

# Κωνσταντίνος Π. Έξαρχος

Πνευμονολογική Κλινική, Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Ιωαννίνων

Μονάδα Ιατρικής Τεχνολογίας και Ευφών Πληροφοριακών Συστημάτων  
Τμήμα Μηχανικών Επιστήμης Υλικών, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

Τηλ: +30 6947619025

Email: kexarcho@gmail.com

A dark red square containing the white letters 'CV' in a bold, sans-serif font.

## Εκπαίδευση

### Πτυχίο Ιατρικής Σχολής, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

MD: 2009-2015 (σειρά εισαγωγής: 1<sup>ος</sup>)

### Διδακτορικό Δίπλωμα, Ιατρική Σχολή Πανεπιστημίου Ιωαννίνων

PhD: 2007-2011 (βαθμός: Άριστα)

Θέμα: “Επεξεργασία και ανάλυση βιολογικών δεδομένων με τη χρήση ευφών υπολογιστικών μεθόδων”.

### Πτυχίο Πληροφορικής, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

BSc: 2001-2006 (σειρά εισαγωγής: 1<sup>ος</sup>)

Διπλωματική εργασία: “Αυτόματος υπολογισμός του διαστήματος QT στο ηλεκτροκαρδιογράφημα”.

## Τιμητικές διακρίσεις Υποτροφίες

### Υποτροφία Ι.Κ.Υ, προπτυχιακές σπουδές στο Τμήμα Πληροφορικής του Πανεπιστημίου Ιωαννίνων

2001

### Υποτροφία Μητροπόλεως, κληροδότημα Χριστόδουλου Ευθυμίου Σπουδές στο Τμήμα Πληροφορικής του Πανεπιστημίου Ιωαννίνων

2001-2005

### Υποτροφία από το ίδρυμα Embrace Grid

2008

### Υποτροφία από τον οργανισμό ISCB (International Society for Computational Biology)

2009

### Βραβείο καλύτερης εργασίας στο συνέδριο HSCBB 2010

2009

Υποτροφία Μητροπόλεως Ιωαννίνων, κληροδότημα Χριστόδουλου Ευθυμίου  
Σπουδές στην Ιατρική Σχολή του Πανεπιστημίου Ιωαννίνων  
2009-2015

Κλινικές  
μελέτες/πρωτόκολλα

Ανεπάρκεια α1-αντιθρυψίνης σε ασθενείς με Συνδυασμένη Πνευμονική Ίνωση και Εμφύσημα και με Ιδιοπαθή Πνευμονική Ίνωση

Κλινικό πρωτόκολλο συγκέντρωσης σπιρομετρικών δεδομένων ασθενών για την αξιολόγηση του φορητού σπιρόμετρου Air Next (NuvoAir, Sweden)

Καταγραφή λειτουργικών και επιδημιολογικών χαρακτηριστικών ασθενών με βρογχικό άσθμα

ΜΕΛΕΤΗ ΕΓΝΑΤΙΑ: «Ορότυποι Streptococcus pneumoniae σε ενήλικες που νοσηλεύονται με ακτινογραφικά επιβεβαιωμένη πνευμονία της κοινότητας (CAP)»

Αξιολόγηση αλγορίθμου αναγνώρισης ηχητικών καταγραφών βήχα

Υπερηχογραφικοί, βιοχημικοί και κλινικοί δείκτες σε ασθενείς με πνευμονική εμβολή

Κλινικό πρωτόκολλο για την εκτίμηση της πιθανότητας πνευμονικής εμβολής με χρήση αλγορίθμων Τεχνητής Νοημοσύνης

Κλινικό πρωτόκολλο για την εκτίμηση του ρυθμού εισαγωγών στην Πνευμονολογική κλινική του Πανεπιστημιακού Γενικού Νοσοκομείου Ιωαννίνων, κατά την περίοδο έξαρσης COVID-19

A phase III, randomized, multicenter, parallel-group clinical trial for examining the therapeutic equivalence between Fluticasone propionate 100 mcg and salmeterol 50 mcg inhalation powder/Respirent Pharmaceuticals vs. ADVAIR DISKUS® 100/50 mcg inhalation powder/GSK in patients with asthma

Κλινικό πρωτόκολλο για την αναγνώριση και κατάταξη σπιρομετρήσεων με χρήση αλγορίθμων Τεχνητής Νοημοσύνης

## Διδακτική εμπειρία

### Διδασκαλία του μαθήματος: **Παθολογία II**

2021 - 2022

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

### Διδασκαλία του μαθήματος: **Παθολογία II**

2020 - 2021

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

### Διδασκαλία του μαθήματος: **Παθολογία I**

2019 - 2020

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

### Διδασκαλία του μαθήματος: **Πληροφορική της Υγείας**

2021 - 2022

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

### Διδασκαλία του μαθήματος: **Τηλεπληροφορική της Υγείας**

2021 - 2022

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

### Διδασκαλία του μαθήματος: **Πληροφορική της Υγείας**

2020 - 2021

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

### Διδασκαλία του μαθήματος: **Τηλεπληροφορική της Υγείας**

2020 - 2021

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

### Διδασκαλία του μαθήματος: **Πληροφορική της Υγείας**

2019 - 2020

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

### Διδασκαλία του μαθήματος: **Τηλεπληροφορική της Υγείας**

2019 - 2020

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

**Διδασκαλία του μαθήματος: Πληροφορική της Υγείας**  
2018 - 2019

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

**Διδασκαλία του μαθήματος: Τηλεπληροφορική της Υγείας**  
2018 - 2019

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

**Διδασκαλία του μαθήματος: Πληροφορική της Υγείας**  
2017 - 2018

Τμήμα Νοσηλευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

**Διδασκαλία του μαθήματος: Πληροφορική της Υγείας**  
2012 - 2013

Τμήμα Λογοθεραπείας, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

**Επαγγελματική  
εμπειρία**

***Πανεπιστημιακός υπότροφος, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων***  
Οκτώβριος 2020 - Οκτώβριος 2021

Σχολή Επαγγελμάτων Υγείας και Πρόνοιας, Τμήμα Νοσηλευτικής,  
Διδάσκων των μαθημάτων:

- “Πληροφορική της Υγείας”
- “Τηλεπληροφορική Υγείας”
- “Παθολογία ΙΙ”

***Πανεπιστημιακός υπότροφος, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων***  
Οκτώβριος 2019 - Οκτώβριος 2020

Σχολή Επαγγελμάτων Υγείας και Πρόνοιας, Τμήμα Νοσηλευτικής,  
Διδάσκων των μαθημάτων:

- “Πληροφορική της Υγείας”
- “Τηλεπληροφορική Υγείας”
- “Παθολογία Ι”

***Μεταδιδακτορικός ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων***  
2019 - 2020

Εργασία στο έργο “Χρήση των πτητικών οργανικών ενώσεων (VOCs) στον εκπνεόμενο αέρα για την αναγνώριση ασθενών με ΧΑΠ ως υψηλού κινδύνου για παροξύνσεις.

**Μεταδιδακτορικός ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων  
2019 - 2020**

Εργασία στο έργο “EuSleep: Ανάλυση βιοϊατρικών σημάτων σε ασθενείς με σύνδρομο υπνικής άπνοιας καθώς και ανάπτυξη υπηρεσιών διάγνωσης και αντιμετώπισης του συνδρόμου” του Πανεπιστημίου Ιωαννίνων.

web: <http://eusleep.gr/>

**Πανεπιστημιακός υπότροφος, Τεχνολογικό Εκπαιδευτικό Ίδρυμα (ΤΕΙ  
Ηπείρου)**

Οκτώβριος 2018 - Φεβρουάριος 2019

Σχολή Επαγγελματιών Υγείας και Πρόνοιας, Τμήμα Νοσηλευτικής.  
Διδάσκων των μαθημάτων:

- “Πληροφορική της Υγείας”
- “Τηλεπληροφορική Υγείας”

**Πανεπιστημιακός υπότροφος, Τεχνολογικό Εκπαιδευτικό Ίδρυμα (ΤΕΙ  
Ηπείρου)**

Οκτώβριος 2017 - Φεβρουάριος 2018

Σχολή Επαγγελματιών Υγείας και Πρόνοιας, Τμήμα Νοσηλευτικής.  
Διδάσκων του μαθήματος: “Πληροφορική της Υγείας”.

**Ειδικευόμενος Πνευμονολογίας, Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο  
Ιωαννίνων (ΠΓΝΙ)**

Σεπτέμβριος 2017 - Μάιος 2022

Πνευμονολογική κλινική, Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Ιωαννίνων.

**Πανεπιστημιακός υπότροφος, Τεχνολογικό Εκπαιδευτικό Ίδρυμα (ΤΕΙ  
Ηπείρου)**

Οκτώβριος 2016 - Φεβρουάριος 2017

Σχολή Επαγγελματιών Υγείας και Πρόνοιας, Τμήμα Νοσηλευτικής.  
Διδάσκων του μαθήματος: “Πληροφορική της Υγείας”.

**Ιατρός υπηρεσίας υπαίθρου, Κέντρο Υγείας Δελβινακίου**

Μάιος 2016 - σήμερα

Περιφερειακό Ιατρείο Κερασόβου Α', Κέντρο Υγείας Δελβινακίου, Γενικό Νοσοκομείο Γ.Ν.Ι. "Γ. Χατζηκώστα".

**Ιατρός άνευ ειδικότητας, Στρατός Ξηράς**

Ιούλιος 2015 - Ιανουάριος 2016

ΣΤΕΠ Ηπείρου, 625 ΤΠ Στρατόπεδο Περάματος Ιωαννίνων.

**Μεταδιδακτορικός ερευνητής, Ερευνητικό Πανεπιστημιακό Ινστιτούτο Συστημάτων Επικοινωνιών και Υπολογιστών (ΕΠΙΣΕΥ), Εθνικό Μετσόβιο Πολυτεχνείο (ΕΜΠ)**

Αύγουστος 2014 - Μάιος 2015

web: <http://www.iccs.gr/>

**Μεταδιδακτορικός ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων**

Ιανουάριος 2013 - Αύγουστος 2015

Εργασία στο έργο "Ανοικτά Ακαδημαϊκά Μαθήματα" του Πανεπιστημίου Ιωαννίνων.

web: <http://opencourses.uoi.gr/>

**Μεταδιδακτορικός ερευνητής, FORTH Biomedical Research Institute**

Φεβρουάριος 2013 - Φεβρουάριος 2013

Έρευνα/εργασία στο έργο "ARTreat: Multi-level patient-specific artery and atherogenesis model for outcome prediction, decision support treatment, and virtual hand-on training".

web: <http://www.artreat.org/>

**Μεταδιδακτορικός ερευνητής, FORTH Biomedical Research Institute**

Φεβρουάριος 2012 - Απρίλιος 2012

Έρευνα/εργασία στο έργο "ARTreat: Multi-level patient-specific artery and atherogenesis model for outcome prediction, decision support treatment, and virtual hand-on training".

web: <http://www.artreat.org/>

**Μεταδιδακτορικός ερευνητής, FORTH Biomedical Research Institute**

Απρίλιος 2012 - Δεκέμβριος 2012

Έρευνα/εργασία στο έργο “ARTreat: Multi-level patient-specific artery and atherogenesis model for outcome prediction, decision support treatment, and virtual hand-on training”.

web: <http://www.artreat.org/>

**Μεταδιδακτορικός ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων**  
Ιανουάριος 2012 - Ιούνιος 2014

Εργασία στο έργο “ΗΡΑΚΛΕΙΤΟΣ ΙΙ” του Πανεπιστημίου Ιωαννίνων.

web: <http://irakleitos.uoi.gr/>

**Εργαστηριακός συνεργάτης, ΤΕΙ Ηπείρου**  
Οκτώβριος 2012 - Μάρτιος 2013

Εργαστηριακός συνεργάτης για το μάθημα “Πληροφορική Υγείας”.

**Ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων**  
Μάρτιος 2011 - Σεπτέμβριος 2011

Έρευνα/εργασία στο έργο “NeoMark: ICT enabled prediction of cancer reoccurrence”.

web: <http://www.neomark.eu/>

**Ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων**  
Ιανουάριος 2010 - Φεβρουάριος 2010

Έρευνα/εργασία στο έργο “NeoMark: ICT enabled prediction of cancer reoccurrence”.

web: <http://www.neomark.eu/>

**Ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων**  
Ιανουάριος 2009 - Δεκέμβριος 2009

Έρευνα/εργασία στο έργο “NeoMark: ICT enabled prediction of cancer reoccurrence”.

web: <http://www.neomark.eu/>

**Ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων**  
Απρίλιος 2009 - Μάιος 2009

Έρευνα/εργασία στο έργο “NeoMark: ICT enabled prediction of cancer reoccurrence”.

web: <http://www.neomark.eu/>

**Ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων**  
Οκτώβριος 2009 - Νοέμβριος 2009

Έρευνα/εργασία στο έργο “NeoMark: ICT enabled prediction of cancer reoccurrence”.  
web: <http://www.neomark.eu/>

**Ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων**  
Ιανουάριος 2008 - Δεκέμβριος 2008

Έρευνα/εργασία στο έργο “POCEMON: point of care monitoring for autoimmune disorders”.  
web: <http://www.pocemon.eu/>

**Ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων**  
Οκτώβριος 2008 - Δεκέμβριος 2008

Έρευνα/εργασία στο έργο “INTREPID: A Virtual Reality Intelligent Multisensor Wearable System for Phobias Treatment”.  
web: <http://www.intrepid-project.eu/>

**Ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων**  
Ιούνιος 2008 - Αύγουστος 2008

Εργασία στο έργο “Δήμος Αρταίων” του Πανεπιστημίου Ιωαννίνων.

**Ερευνητής, Επιτροπή Ερευνών Πανεπιστημίου Ιωαννίνων**  
Ιούνιος 2007 - Δεκέμβριος 2007

Εργασία στο έργο “ΕΚΑΒ” του Πανεπιστημίου Ιωαννίνων.

Δημοσιεύσεις

Επιστημονικά περιοδικά

1. T.P. Exarchos, M.G. Tsipouras, **K.P. Exarchos**, C. Papaloukas, D.I. Fotiadis and L.K. Michalis, "A methodology for the automated creation of fuzzy expert systems for



- ischaemic and arrhythmic beat classification based on a set of rules obtained by a decision tree", *Artificial Intelligence in Medicine*, 40(3), pp. 187-200, 2007.
2. **K.P. Exarchos**, C. Papaloukas, T.P. Exarchos, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis, "Prediction of Cis/trans isomerization using feature selection and support vector machines", *Journal of Biomedical Informatics*, 42(1), pp. 140-149, 2009.
  3. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis, "PBOND: Web server for the prediction of proline and non-proline cis/trans isomerization", *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, 2010.
  4. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis, "Detection of discriminative sequence patterns in the neighborhood of proline cis peptide bonds and their functional annotation", *BMC Bioinformatics*, 10(113), 2009.
  5. C. Lampros, C. Papaloukas, **K.P. Exarchos** and D.I. Fotiadis, "Improving the protein fold recognition accuracy of a reduced state-space Hidden Markov model", *Computers in Biology and Medicine*, 39(10), pp. 907-914, 2009.
  6. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Unification of heterogeneous data towards the prediction of oral cancer reoccurrence", *CEUR WS*, pp. 24-35, 2009.
  7. C. Lampros, T. Simos, T.P. Exarchos, **K.P. Exarchos**, C. Papaloukas and D.I. Fotiadis, "Assessment of optimized Markov models in protein fold classification", *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 2014.
  8. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, G. Rigas and D.I. Fotiadis, "Extraction of consensus protein patterns in regions containing non-proline cis peptide bonds and their functional assessment", *BMC Bioinformatics*, 12(142), 2011.
  9. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "A multiscale and multiparametric approach for modeling the progression of oral cancer", *IEEE Transactions on Biomedical Engineering (IEEE TBME)*, 2011.
  10. M. Picone, S. Steger, **K.P. Exarchos**, M. Fazio, Y. Goletsis, D.I. Fotiadis, E. Martinelli, D. Ardigo, "Enabling heterogeneous data integration and biomedical event prediction through ICT: the test case of cancer reoccurrence", *Advances in Experimental Medicine and Biology*, 696, pp. 367-375, 2011.
  11. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "A Multiscale and Multiparametric Approach for Modeling the Progression of Oral Cancer", *BMC Medical Informatics and Decision Making*, vol. 12, no. 136, 2012.
  12. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Multiparametric Decision Support System for the Prediction of Oral Cancer Reoccurrence", *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine (IEEE TITB)*, vol. 15, pp. 1127-1134, 2012.
  13. N. Bertani, S. Rossi, T. Poli, E.M. Silini, G. Chiari, D. Ardigo, **K.P. Exarchos**, E. Sesenna, R. Perris, "Risk Prediction of Tumor Relapse in Oral Cancer by

Multi-parametric Marker Integration”, European Journal of Cancer, vol. 48, 2012.

14. K. Kalantzaki, E.S. Bei, **K.P. Exarchos**, M. Zervakis, M. Garofalakis and D.I. Fotiadis, “Nonparametric Network Design and Analysis of Disease Genes in Oral Cancer Progression”, IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2013.

**Featured Article in Research Highlights**

15. **K.P. Exarchos**, K. Kourou, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, M. Karamouzis, D.I. Fotiadis, “Sequence patterns mediating functions of disordered proteins”, Advances in Experimental Medicine and Biology, 2014.
16. **K.P. Exarchos**, C. Carpeggiani, G. Rigas, T.P. Exarchos, F. Vozzi, A. Sakellarios, P. Marraccini, K. Naka, L. Michalis, O. Parodi, D.I. Fotiadis, “A multiscale approach for modeling atherosclerosis progression”, IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2014.
17. K. Kourou, T.P. Exarchos, **K.P. Exarchos**, M. Karamouzis, D.I. Fotiadis, “Machine Learning Applications in Cancer Prognosis and Prediction”, Computational and Structural Biotechnology Journal, 2014.
18. K. Kourou, G. Rigas, **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis, T. Exarchos, S. Jacobs, B. Meyns, M. Trivella, D.I. Fotiadis, “Prediction of time dependent survival in HF patients after VAD implantation using pre and post-operative data”, Computers in Biology and Medicine, 2015.
19. **K.P. Exarchos**, A.Gogali, A.Sioutkou, C.Chronis, S.Peristeri, K.Kostikas, “Validation of the portable Bluetooth® Air Next spirometer in patients with different respiratory diseases”, Respiratory Research, 2020.
20. **K.P. Exarchos**, M. Beltsiou, C-A. Votti, K.T. Kostikas, “Artificial Intelligence techniques in Asthma: A systematic review and critical appraisal of the existing literature”, European Respiratory Journal, 2020.
21. E. Stergiou, **K.P. Exarchos**, “Myths about COVID-19 in the social media”, Journal of Infectious Diseases and Research, 2020.
22. C. Kyriakopoulos, A. Gogali, **K.P. Exarchos**, et al, “Reduction in hospitalisations for respiratory diseases during the first COVID-19 wave in Greece”, Respiration, 2021.
23. **K.P. Exarchos**, C. Chronis, L. Lipirou, V. Sakkas, K. Kostikas, “Stratification of patients with Chronic Obstructive Pulmonary Disease using Volatile Organic Compounds”, Advances in Experimental Medicine and Biology, 2021.
24. **K.P. Exarchos** and K. Kostikas, “Artificial Intelligence in COPD: possible applications and future prospects”, Respirology, 2021.
25. K. Kourou, **K.P. Exarchos**, C. Papaloukas, P. Sakaloglou, T.P. Exarchos, “Applied machine learning in cancer research: a systematic review for patient diagnosis, classification and prognosis”, Computational and Structural Biotechnology Journal, 2021.

## Συνέδρια

1. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis, “Predicting peptide bond conformation using feature selection and the Naïve Bayes approach”, 29th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (IEEE EMBC 2007), Lyon, France.
2. C. Lampros, C. Papaloukas, **K.P. Exarchos** and D.I. Fotiadis, “Improvement in fold recognition accuracy of a reduced-state-space hidden markov model by using secondary structure information in scoring”, 29th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (IEEE EMBC 2007), Lyon, France.
3. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis, “Identification of sequence patterns associated with proline cis/trans isomerization”, 7th European Conference on Computational Biology (ECCB 2008), Cagliari, Sardinia.

### **Βραβείο καλύτερης εργασίας**

4. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis, “Systematic elicitation of sequence patterns associated with non-proline cis peptide bonds”, 8th International Conference on Bioinformatics and BioEngineering (BIBE 2008), Athens, Greece.
5. **K.P. Exarchos**, G. Rigas, Y. Goletsis, D. Ardigo and D.I. Fotiadis, “Oral cancer reoccurrence prediction using Dynamic Bayesian Networks”, 4th International Conference on Computational BioEngineering (ICCB 2009), Bertinoro, Italy.
6. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, “Unification of heterogeneous data towards the prediction of oral cancer reoccurrence”, 5th IFIP Conference on Artificial Intelligence Applications and Innovations (AIAI 2009) - Workshop on Biomedical Informatics and Intelligent Approaches in the support of Genomic Medicine (BMINT 2009), Thessaloniki, Greece.
7. **K.P. Exarchos**, G. Rigas and D.I. Fotiadis, “Evolutionarily driven algorithm for the quantification of protein patterns' similarity”, 17th Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB 2009) and 8th European Conference on Computational Biology (ECCB 2009), Stockholm, Sweden.
8. **K.P. Exarchos**, G. Rigas and D.I. Fotiadis, “pCOMPARE: an evolutionarily driven algorithm for the quantification of protein patterns' similarity”, ISMB Students Council Symposium 2009.

### **Βραβείο καλύτερης εργασίας**

9. **K.P. Exarchos**, G. Rigas, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Dynamic Bayesian Networks for disease evolution monitoring: the test case of oral cancer

reoccurrence", 4th Conference of the Hellenic Society for Computational Biology (HSCBB 2009), Athens, Greece.

**Βραβείο καλύτερης παρουσίασης**

10. **K.P. Exarchos**, G. Rigas, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "A multilevel and multiscale approach for the prediction of oral cancer reoccurrence", XII Mediterranean Conference on Medical and Biological Engineering and Computing (Medicon 2010), Chalkidiki, Greece.
11. **K.P. Exarchos**, G. Rigas, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Modeling of oral cancer progression using Dynamic Bayesian Networks", International Conference on Biomedical Data and Knowledge Mining: Towards Biomarker Discovery (DMBIO 2010), Chania, Greece.
12. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis, F.G. Kalatzis, N. Giannakeas, V. Oikonomou and D.I. Fotiadis, "NeoMark: ICT platform for the prediction of oral cancer reoccurrence", VPH Network of Excellence (VPH-NoE 2010), Brussels, Belgium.
13. M. Picone, S. Steger, **K.P. Exarchos**, M. Fazio, G. Chiari, D. Ardigo, E. Martinelli, "NeoMark: how to predict oral cancer recurrence through multiscale data analysis", VPH Network of Excellence (VPH-NoE 2010), Brussels, Belgium.
14. **K.P. Exarchos**, G. Rigas, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Towards building a Dynamic Bayesian Network for monitoring oral cancer progression using time-course gene expression data", 10th IEEE International Conference on Information Technology and Applications in Biomedicine (ITAB 2010), Corfu, Greece.
15. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis, T. Poli and D.I. Fotiadis, "Gene expression profiling towards the prediction of oral cancer reoccurrence", accepted in 33rd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC 2011).
16. T. Poli, D. Ardigo, E. Derlindati, D. Lanfranco, **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Identification of genetic biomarkers for oral cancer reoccurrence prediction", ASCO-NCI-EORTC Annual Meeting on Molecular Markers in Cancer, Hollywood, Florida, 2010.
17. E. Antoniadou, **K.P. Exarchos**, V.E. Tsianos, T.M. Kolettis, "Neurocardiogenic syncope in adolescents", 18th ESFIE conference, Athens, Greece, 2012.
18. N. Bertani, S. Rossi, T. Poli, E.M. Sillini, G. Chiari, D. Ardigo, **K.P. Exarchos**, E. Sessena, R. Perris, "Risk prediction of tumor relapse in oral cancer by multi-parametric marker integration", 22nd Biennial Congress of the European Association for Cancer Research, Barcelona, Spain, 2012
19. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Bourantas, M. Papafaklis, K. Naka, L. Michalis, O. Parodi, D.I. Fotiadis, "Prediction of Coronary Atherosclerosis Progression using Dynamic Bayesian Networks", 35th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC'13), Osaka, Japan, 2013.

20. K. Kalantzaki, E. Bei, **K.P. Exarchos**, M. Zervakis, D.I. Fotiadis, M. Garofalakis, "Identification of altered MET network in Oral Cancer Progression based on Nonparametric Network Design", 35th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC'13), Osaka, Japan, 2013.
21. **K.P. Exarchos**, K. Kourou, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, M. Karamouzis, D.I. Fotiadis, "Sequence patterns mediating functions of disordered proteins", Advances in Experimental Medicine and Biology, 1st World Congress on Geriatrics and Neurodegenerative Diseases Research (GeNeDis 2014), Corfu, Greece, 2014.
22. E. Martinelli, T. Poli, **K.P. Exarchos**, S. Steger, "Multilevel and multiscale modeling approach for VPH-based prediction of oral cancer reoccurrences. Results of the FP7 NeoMark project", IEEE-EMBS International Conference on Biomedical and Health Informatics (BHI 2014), Valencia, Spain, 2014.
23. D. Tziallas, C. Kastanioti, K. Kirkos, **K.P. Exarchos**, V. Tsimihodimos, M.S. Elisaf, "Evaluating the relationship between hospital cost and quality indices in a NHS hospital in Greece", International Conference on Business & Economics of the Hellenic Open University (ICBE - HOU), Athens, Greece, 2015.
24. K. Kourou, **K.P. Exarchos**, C. Papaloukas, D.I. Fotiadis, "A Bayesian Network-based approach for discovering oral cancer candidate biomarkers" IEEE EMBC 2015, Milan, Italy, 2015
25. C. Chronis, S. Manou, **K.P. Exarchos**, V. Sakkas, A. Konstantinidis, T.P. Exarchos, D.I. Fotiadis, "Lung Cancer Diagnosis Using Breath Biomarkers: A Data Mining Approach", IEEE Biomedical and Health Informatics (BHI'18), Las Vegas, NV, USA, 2018.
26. C. Chronis, **K.P. Exarchos**, K. Kostikas, Χρήση πτητικών οργανικών ενώσεων στον εκπνεόμενο αέρα για διάγνωση του καρκίνου του πνεύμονα, 27ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2018.
27. **K.P. Exarchos**, A. Sioutkou, C. Chronis, S. Peristeri, A. Gogali, A. Konstantinidis, K. Kostikas, Validation of the portable AirNext spirometer: preliminary results, ERS 2019, Madrid, Spain, 2019.
28. **Κ. Έξαρχος**, Α. Γόγαλη, Α. Σιούτκου, Χ. Χρόνης, Σ. Περιστερή, Α. Κωνσταντινίδης, Κ. Κωστίκας, "Επικύρωση του φορητού σπιρομέτρου Air Next (NuvoAir, Sweden)", 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.
29. **Κ. Έξαρχος**, Μ. Μπέλτσιου, Χ. Βώττη, Κ. Κωστίκας, "Εφαρμογές Τεχνητής Νοημοσύνης στο Βρογχικό Άσθμα: συστηματική ανασκόπηση", 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.
30. **Κ. Έξαρχος**, Α. Οικονόμου, Θ. Μπινίσκου, Β. Μπελή, Ε. Αντωνιάδου, Κ. Κωστίκας, "Ανασκόπηση εφαρμογών Τεχνητής Νοημοσύνης στη Χρόνια

Αποφρακτική Πνευμονοπάθεια”, 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.

31. Α. Νικολόπουλος, **Κ. Έξαρχος**, Χ. Μπέλλος, Κ. Στεφάνου, Γ. Στέργιο, Κ. Τάτσης, Χ. Τσελεπή, Α. Κωνσταντινίδης, “Έργο EuSleep: Ανάλυση βιοϊατρικών σημάτων σε ασθενείς με σύνδρομο υπνικής άπνοιας και υπηρεσίες διάγνωσης και αντιμετώπισης”, 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.
32. **Κ. Έξαρχος**, Κ. Μπαρτζιώκας, Χ. Τάγκας, Ε. Τσίνα, Β. Δρούβης, Ο. Τόλη, Κ. Κωστίκας, “Αλγόριθμος Τεχνητής Νοημοσύνης για τη διάγνωση της Πνευμονικής Εμβολής”, 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.
33. Α. Χαρίσης, **Κ. Έξαρχος**, Χ. Κατσάνος, Α. Γόγαλη, Κ. Γκαρτζονίκα, Α. Τατσιώνη, Θ. Βαδιβούλης, Χ. Χρόνης, Χ. Κυριακόπουλος, Σ. Περιστερή, Κ. Τάτσης, Β. Μπέλλου, Α. Κήττας, Κ. Βαγγελή, Δ. Ποτονός, Κ. Κωστίκας, Α. Κωνσταντινίδης, “Μεταβολές αιματολογικών και βιοχημικών παραμέτρων σε ασθενείς με ενεργό πνευμονική φυματίωση και ασθενείς με πνευμονία της κοινότητας”, 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.
34. C. Votti, M. Beltsiou, **K.P. Exarchos**, K. Kostikas, “Review of Artificial Intelligence applications in asthma”, 26th ESFIE, Patras, Greece, 2020.
35. **K.P. Exarchos**, A. Oikonomou, T. Biniskou, V. Beli, E. Antoniadou, A. Aggelopoulou, K. Kostikas, “Artificial Intelligence techniques and Chronic Obstructive Pulmonary Disease: a systematic review”, 26th ESFIE, Patras, Greece, 2020.
36. **K.P. Exarchos**, A. Aggelopoulou, K. Bartziokas, E. Tsina, C. Tagkas, V. Drouvis, O. Toli, K. Kostikas, “Diagnosis of Pulmonary Embolism using Artificial Intelligence: preliminary results”, 26th ESFIE, Patras, Greece, 2020.
37. **K.P. Exarchos**, A. Aggelopoulou, K. Bartziokas, E. Tsina, C. Tagkas, V. Drouvis, O. Toli, K.T. Kostikas, Machine learning algorithm for the diagnosis of pulmonary embolism: a proof of concept study, ERS 2020.
38. A. Gogali, **K.P. Exarchos**, K. Bartziokas, A. Sioutkou, K. Kostikas, “Validation study of the quality of home spirometry performed by Air Next spirometer in combination with mobile coaching system: preliminary results”, ERS 2020.
39. Χ. Μπάλλας, Λ. Λάκκας, Ο. Καρδακάρη, **Κ. Έξαρχος**, Ν. Βρύζας, Π. Καλογεράς, Ι. Σαμαρά, Α. Νάκα, Κ. Κωστίκας, Λ. Μιχάλης, Χ. Κατσούρας, “Κλινικές παράμετροι και βιοχημικοί δείκτες σε ασθενείς με οξεία πνευμονική εμβολή. Πρόδρομα αποτελέσματα”, 41ο Πανελλήνιο Καρδιολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2020.
40. Λ. Λάκκας, Χ. Μπάλλας, Ο. Καρδακάρη, **Κ. Έξαρχος**, Α. Κωνσταντινίδης, Α. Νάκα, Κ. Κωστίκας, Λ. Μιχάλης, Χ. Κατσούρας, “Δείκτες φυσιολογίας πνευμονικής κυκλοφορίας και δεξιάς κοιλίας σε νορμο-τασικούς ασθενείς με οξεία πνευμονική εμβολή. Πρόδρομα αποτελέσματα”, 41ο Πανελλήνιο Καρδιολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2020.

41. Χ. Κυριακόπουλος, **Κ. Έξαρχος**, Α. Γόγαλη, Β. Απολλωνάτου, Σ. Λουκίδης, Ι. Σιγάλα, Π. Κατσαούνου, Μ. Αγγελίδης, Ε. Φούκα, Κ. Πορπόδης, Θ. Κοντακιώτης, Φ. Σαμσωνάς, Θ. Καραμπιτσάκος, Α. Τζουβελέκης, Ε. Μπικάκη, Κ. Αντωνίου, Ν. Τζανάκης, Η. Δημέας, Ζ. Δανιήλ, Κ. Γουργουλιάνης, Μ. Κουρατζή, Π. Στειρόπουλος, Ε. Μάνος, Η. Παπανικολάου, Κ. Κωστίκας, “Κλινικό πρωτόκολλο καταγραφής των νοσηλειών για αναπνευστικές παθήσεις σε Πνευμονολογικές Κλινικές, κατά την περίοδο έξαρσης COVID-19 (Μαρτίου-Απριλίου 2020)”, 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.
42. Κ. Μπαρτζιώκας, Χ. Κυριακόπουλος, **Κ. Έξαρχος**, Κ. Κωστίκας, “Μοντέλο πρόβλεψης διάρκειας νοσηλείας και έκβασης πνευμονικής εμβολής (ΠΕ) με χρήση βιοδεικτών”, 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.
43. Κ. Μπαρτζιώκας, Χ. Κυριακόπουλος, **Κ. Έξαρχος**, Κ. Κωστίκας, “Αξιολόγηση του λόγου ουρικού οξέος/κρεατινίνη ως προγνωστικού δείκτη κατά τη διάρκεια της πνευμονικής εμβολής (ΠΕ), συσχέτιση με άλλες κλινικοεργαστηριακές παραμέτρους”, 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.
44. Δ. Ποτονός, **Κ. Έξαρχος**, Κ. Μπαρτζιώκας, Χ. Κυριακόπουλος, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστίκας, “Εκπνεόμενο μονοξείδιο του αζώτου(FeNO) και εφαρμογές του εκτός άσθματος: συστηματική ανασκόπηση”, 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.
45. Α. Νικολόπουλος, Χ. Τσελεπή, **Κ. Έξαρχος**, Κ. Κωστίκας, Α. Κωνσταντινίδης, “Σύγκριση Παραμέτρων μεταξύ Νυχτερινής Οξυμετρίας στο Σπίτι και Πολυπνογραφίας”, 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.
46. Α. Αγγελοπούλου, **Κ. Έξαρχος**, Χ. Τάγκας, Ε. Τσίνα, Β. Δρούβης, Ο. Τόλη, Δ. Ποτονός, Β. Μπέλλου, Σ. Περιστερή, Χ. Κυριακόπουλος, Χ. Χρόνης, Α. Γόγαλη, Α. Κωνσταντινίδης, Κ. Κωστίκας, “Επιδημιολογικά δεδομένα της πνευμονικής εμβολής στο Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Ιωαννίνων την περίοδο 2014-2019”, 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.
47. **K.P. Exarchos**, C. Chronis, V. Sakkas, K. Kostikas, “Use of Volatile Organic Compounds for the identification of high risk patients with Chronic Obstructive Pulmonary Disease”, GeNeDis 2020, Corfu, Greece, 2020.
48. Ε. Stergiou, **K.P. Exarchos**, “Myths about COVID-19 in the social media”, 11th International Virtual Seminar on COVID-19 Part II, 2020.
49. Χ. Παπαμάρκου, **Κ. Έξαρχος**, “Επαυξημένη νεφρική κάθαρση: μια σημαντική παράμετρος στη δοσολογία των αντιβιοτικών”, 47ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.
50. Ε. Στεργίου, Τ. Λάχο, Ε. Βουργίδα, **Κ. Έξαρχος**, “Ηλεκτρονική εφαρμογή υπολογισμού παιδιατρικών δόσεων φαρμάκων”, 47ο Ετήσιο Πανελλήνιο

Ιατρικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.

51. Χ. Κυριακόπουλος, Κ. Μπαρτζιώκας, **Κ. Έξαρχος**, Κ. Κωστίκας, “Αξιολόγηση του λόγου ουρικού οξέος/κρεατινίνη (UA/CR) ως προγνωστικού δείκτη κατά τη διάρκεια της πνευμονικής εμβολής (ΠΕ), συσχέτιση με άλλες κλινικοεργαστηριακές παραμέτρους”, 47ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.
52. Χ. Κυριακόπουλος, Κ. Μπαρτζιώκας, **Κ. Έξαρχος**, Κ. Κωστίκας, “Μοντέλο πρόβλεψης διάρκειας νοσηλείας και έκβασης πνευμονικής εμβολής με χρήση βιοδεικτών”, 47ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.
53. Χ. Κυριακόπουλος, **Κ. Έξαρχος**, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστίκας, “Πρωτόκολλο καταγραφής νοσηλείων για αναπνευστικές παθήσεις σε πνευμονολογικές κλινικές κατά την 1η περίοδο έξαρσης COVID-19 (Μαρτίου-Απριλίου 2020)”, 47ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.
54. Α. Λιάρικου, ..., EGNATIA study group, “The most prevalent pneumococcal serotypes causing community-acquired pneumonia in adults in Greece using urinary antigen detection test: the EGNATIA study, 2017-2019”, 31st ECCMID, 2021.
55. **K.P. Exarchos**, D. Potonos, A. Aggelopoulou, A. Sioutkou and K. Kostikas, “Deep learning algorithm for the classification of spirometries using flow-volume curves: proof of concept study”, ERS 2021.
56. Κ. Kostikas, S. Coughlin, A. Sioutkou, **K.P. Exarchos**, K. Bartziokas, K. Tatsis, C. Kyriakopoulos, A. Gogali, “Achievement of High Quality Home Spirometry in Patients with Asthma: The NuvoAir Platform”, American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine 2021.
57. C. Bellos, G. Stergios, K. Stefanou, A. Fyraridis, A. Nikolopoulos, **K.P. Exarchos**, A. Konstantinidis, K. Kostikas, “A web platform to monitor patients with sleep apnea”, 6th SEEDA-CECNSM 2021.
58. **K.P. Exarchos**, M. Beltsiou, C. Votti, K. Kostikas, “Εφαρμογές Τεχνητής Νοημοσύνης σε παιδιατρικούς πληθυσμούς, συστηματική ανασκόπηση της βιβλιογραφίας”, 11ο Πανελλήνιο Παιδοπνευμονολογικό συνέδριο 2021, Ιωάννινα, Ελλάδα, 2021.
59. **Κ. Έξαρχος**, “Εφαρμογές Τεχνητής Νοημοσύνης στη νοσηλευτική επιστήμη”, 14ο Πανελλήνιο Επιστημονικό και Επαγγελματικό Νοσηλευτικό συνέδριο 2021, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα, 2021.
60. Λ. Λάκκας, Χ. Μπάλλας, Ό. Καρδακάρη, **Κ. Έξαρχος**, Δ. Ποτονός, Ι. Σαμαρά, Π. Καλογεράς, Β. Μπουρατζής, Α. Κωνσταντινίδης, Σ. Τσιάρα, Κ. Νάκα, Λ. Μιχάλης, Χ. Κατσούρας, “Νεότεροι υπερηχοκαρδιογραφικοί δείκτες εκτίμησης δεξιάς κοιλίας στην οξεία πνευμονική εμβολή”, 42ο Πανελλήνιο Καρδιολογικό Συνέδριο 2021, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.



61. Γ. Γκρέπη, **Κ. Έξαρχος**, Ε. Σάλλα, Δ. Ποτονός, Β. Μπέλλου, Α. Σίμου, Χ. Κυριακόπουλος, Χ. Χρόνης, Κ. Τάτσης, Σ. Περιστερή, Α. Κωνσταντινίδης, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστίκας, “Φυματιώδης υπεζωκοτική συλλογή σε νεαρό ενήλικα ασθενή νοσηλευόμενο με COVID-19”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.
62. Α. Νικολόπουλος, Χ. Τσελεπή, **Κ. Έξαρχος**, Γ. Σιώπης, Α. Κωστούλας, Α. Σιούτκου, Α. Ζήση, Κ. Κωστίκας, Α. Κωνσταντινίδης, “Χρήση καταγραφικών τύπου II κατ’ οίκον και σύγκριση του ΑΗΙ με καταγραφές τύπου ΙΙΙ”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.
63. Δ. Ποτονός, **Κ. Έξαρχος**, Α. Σιούτκου, Κ. Μπαρτζιώκας, Κ. Τάτσης, Χ. Κυριακόπουλος, Α. Γόγαλη, S. Coughlin, Κ. Κωστίκας, “Σπιρομέτρηση κατ’ οίκον για την παρακολούθηση ασθενών με άσθμα μέσω της πλατφόρμας της NuvoAir”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.
64. **Κ. Έξαρχος**, Γ. Γκρέπη, Ε. Σάλλα, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστίκας, “Άσυνήθης περίπτωση διηθημάτων άμφω, εν μέσω πανδημίας COVID-19”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.
65. **Κ. Έξαρχος**, Α. Αγγελουπούλου, Δ. Ποτονός, Α. Σιούτκου, Κ. Κωστίκας, “Αλγόριθμος Deep Learning για την ταξινόμηση σπιρομετρήσεων χρησιμοποιώντας καμπύλες ροής-όγκου”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.
66. Γ. Γκρέπη, **Κ. Έξαρχος**, Ε. Σάλλα, Δ. Ποτονός, Β. Μπέλλου, Α. Σίμου, Ι. Παπαγεωργίου, Χ. Κυριακόπουλος, Χ. Χρόνης, Α. Κωνσταντινίδης, Σ. Περιστερή, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστίκας, “Λεμφωματοειδής κοκκιωμάτωση, μια σπάνια περίπτωση μιμούμενη καρκίνο πνεύμονα”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.
67. Δ. Ποτονός, Ε. Μπερής, **Κ. Έξαρχος**, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστίκας, “Συστηματική ανασκόπηση real world μελετών για την αποτελεσματικότητα των βιολογικών παραγόντων anti-IL5 σε σοβαρό άσθμα”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.
68. **Κ. Έξαρχος**, Λ. Λυπήρου, Χ. Χρόνης, Β. Σακκάς, Κ. Κωστίκας, “Αλγόριθμος Deep Learning για τη διαστρωμάτωση ασθενών με ΧΑΠ χρησιμοποιώντας μη πτητικές οργανικές ενώσεις στον εκπνεόμενο αέρα”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.
69. **K.P. Exarchos**, G. Gkrepi, E. Salla, A. Gogali, K. Kostikas, “An unexpected case of bilateral infiltrates during the COVID-19 pandemic”, CHEST Congress 2022, Bologna, Italy, 2022.
70. G. Gkrepi, E. Salla, **K.P. Exarchos**, A. Gogali, K. Kostikas, “Lymphomatoid granulomatosis, a rare case mimicking lung cancer”, CHEST Congress 2022, Bologna, Italy, 2022.

## Κεφάλαια σε βιβλία

1. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, D.I. Fotiadis, "Section IV - Medical Informatics: Genome Informatics", Biomedical Signals, Imaging and Informatics, CRC Press, 2014.
2. T. Poli, C. Copelli, D. Lanfranco, D. Salvi, **K.P. Exarchos**, M. Picone, D. Ardigo, S. Steger, M. Fonseca, M. De Fazio, E. Martinelli, E. Sesenna, "Biomarkers in Neomark European Project for Oral Cancer", Biomarkers in Disease: Methods, Discoveries and Applications, Springer, 2015.

## Προσκεκλημένες ομιλίες

1. **K.P. Exarchos**, "Artificial Intelligence and severe asthma", Επιστημονική ημερίδα: οι νεότερες εξελίξεις στα αναπνευστικά αποφρακτικά νοσήματα, NVS Novartis seminar, 2019.
2. **K.P. Exarchos**, "New uses of data: from big data to Artificial Intelligence and clinical decision tools in children with respiratory diseases", Session: New technologies for the management of children with respiratory diseases, ERS 2021.

## Υπόμνημα επιστημονικών εργασιών

	Συνολικά	Από το 2016
<b>Παραθέσεις</b>	2221	1968
<b>h-index</b>	10	8
<b>i10-index</b>	10	6

## Γλώσσες

- Ελληνικά (μητρική)
- Αγγλικά, Certificate of Proficiency in English
- Γερμανικά, Zertifikat

## Διάφορα

- Μέλος της Οργανωτικής Επιτροπής για το συνέδριο: 10<sup>th</sup> IEEE International Conference on Information Technology and Applications in Biomedicine (ITAB 2010)
- Program Chair για το συνέδριο 10<sup>th</sup> IEEE International Conference on

Information Technology and Applications in Biomedicine (ITAB 2010)

- Program Chair για το συνέδριο 10<sup>th</sup> International Workshop on Biomedical Engineering
- Program Chair για το συνέδριο IEEE 13th International Conference on BioInformatics and BioEngineering
- Program Chair για το συνέδριο IEEE 14th International Conference on BioInformatics and BioEngineering
- Program Chair for για το International Symposium on Network Enabled Health Informatics, Biomedicine and Bioinformatics, 2015
- Μέλος του Editorial Board στο περιοδικό **Network Modeling Analysis in Health Informatics and Bioinformatics**
- Μέλος του Editorial Board στο περιοδικό **Frontiers in Medicine**
- Κριτής στο περιοδικό **BMC Bioinformatics**
- Κριτής στο περιοδικό **Informatics in Medicine Unlocked**
- Κριτής στο περιοδικό **Heart & Lung**
- Κριτής στο περιοδικό **IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics**
- Κριτής στο περιοδικό **Journal of Clinical Medicine**
- Κριτής στο περιοδικό **Journal of Ambient Intelligence & Humanized Computing**
- Κριτής στο περιοδικό **Frontiers in Medicine**
- Κριτής στο περιοδικό **Biomedical Signal Processing and Control**
- Μέλος του ISCB - International Society for Computational Biology
- Μέλος του ISCB Student Council
- Μέλος του ERC - European Resuscitation Council

Ανάλυση  
επιστημονικών  
εργασιών

### Διδακτορική διατριβή

**Θέμα:** “Επεξεργασία και ανάλυση βιολογικών δεδομένων με τη χρήση ευφυών υπολογιστικών μεθόδων”.

Η διδακτορική διατριβή εστιάζεται στην ανάπτυξη και εφαρμογή ευφυών υπολογιστικών μεθόδων για την οργάνωση, επεξεργασία, ανάλυση και κατανόηση μεγάλου όγκου βιολογικών δεδομένων. Απώτερος σκοπός είναι η σταδιακή αποκρυπτογράφηση του γενετικού υποβάθρου ασθενειών και κατ' επέκταση την αποδοτικότερη και στοχευμένη αντιμετώπισή τους. Τα στάδια ανάπτυξης και

υλοποίησης της παρούσας μελέτης ανάγονται σε ένα επαγωγικό πλαίσιο έρευνας που δομείται σταδιακά από το ειδικό προς το γενικό. Η έρευνα ξεκινάει από το κατώτερο επίπεδο οργάνωσης των πρωτεϊνών, την πρωτοταγή δομή, όπου μελετάμε τους δεσμούς που αναπτύσσονται μεταξύ των αμινοξέων, που αποτελούν τους δομικούς λίθους των πρωτεϊνών. Στη συνέχεια, εξετάζουμε τις εξαρτήσεις και αλληλεπιδράσεις μεταξύ των πρωτεϊνικών μορίων, εστιάζοντας συγκεκριμένα σε πρωτεΐνες που είτε μερικώς είτε πλήρως είναι ρεομορφικές, δηλαδή δεν φέρουν σαφή τριτοταγή δομή. Οι ρεομορφικές πρωτεΐνες λόγω της εγγενούς ευμεταβλητότητάς τους, έχει βρεθεί ότι συμμετέχουν σε πλήθος κυτταρικών λειτουργιών και συνακόλουθα έχουν συσχετιστεί με την επαγωγή σοβαρών ασθενειών. Στη συνέχεια της διδακτορικής διατριβής επεκτείνουμε και συνδυάζουμε την ανάλυση από το μικροσκοπικό επίπεδο με μακροσκοπικές παρατηρήσεις και δεδομένα. Συγκεκριμένα, συλλέγουμε βιολογικά δεδομένα που αφορούν την κυτταρική και συστημική λειτουργία του οργανισμού, καθώς και κλινικά δεδομένα (ιατρικό ιστορικό και απεικονιστικά δεδομένα) που αφορούν σε φαινοτυπικό πλέον επίπεδο ανατομικές οντότητες και τον οργανισμό ως σύνολο. Εφαρμόζουμε αυτή την πολύπλευρη και πολυπαραγοντική ανάλυση σε μια πολύπλοκη νόσο όπως ο καρκίνος – και πιο συγκεκριμένα στον στοματικό καρκίνο – που φέρει εκφάνσεις σε όλα τα επίπεδα της φυσιολογίας του οργανισμού.

Στο 1ο κεφάλαιο παραθέτουμε εισαγωγικές έννοιες για όλα τα επιμέρους ερευνητικά πεδία που εξετάζονται, είτε άπτονται της παρούσας διδακτορικής διατριβής. Συγκεκριμένα, οι τομείς όπου αναλύονται οι βασικές έννοιες και παρουσιάζεται η σχετική βιβλιογραφία είναι: τα επίπεδα οργάνωσης των πρωτεϊνών, ο ισομερισμός του πεπτιδικού δεσμού, τα δίκτυα πρωτεϊνικών αλληλεπιδράσεων, οι ρεομορφικές πρωτεΐνες και ο λειτουργικός τους ρόλος, η μικροσκοπική και μακροσκοπική θεώρηση του καρκίνου και ιδιαίτερα ο μηχανισμός εξέλιξης του στοματικού καρκίνου.

Στο 2ο κεφάλαιο παρουσιάζουμε μια μεθοδολογία για την πρόβλεψη της διαμόρφωσης του πεπτιδικού δεσμού, μεταξύ των αμινοξέων μιας πρωτεΐνης. Εξάγοντας ένα πλήθος χαρακτηριστικών με βιολογική σημασία αμιγώς από την πρωτοταγή ακολουθία των αμινοξέων, προβλέπουμε την διαμόρφωση του πεπτιδικού δεσμού. Συνεχίζοντας στο ίδιο ερευνητικό πεδίο, στο 3ο κεφάλαιο εστιάζουμε το ενδιαφέρον μας στην εξαγωγή ακολουθιακών προτύπων, που χαρακτηρίζουν και περιγράφουν με έναν εύληπτο τρόπο τις ισομερείς διαμορφώσεις του πεπτιδικού δεσμού. Στη συνέχεια χρησιμοποιούμε τα εξαχθέντα πρότυπα ώστε να αναδείξουμε τις λειτουργικές συσχετίσεις των cis πεπτιδικών δεσμών.

Στο 4ο κεφάλαιο μελετάμε τα δίκτυα αλληλεπίδρασης των ρεομορφικών πρωτεϊνών και μέσα από αυτά αναδεικνύουμε τον τρόπο με τον οποίο επάγουν τον λειτουργικό τους ρόλο καθώς και την συνακόλουθη συμμετοχή τους σε πλήθος ασθενειών στον άνθρωπο. Εντοπίζουμε κατά τρόπο συστηματικό ακολουθιακά πρότυπα μέσω των οποίων οι ρεομορφικές πρωτεΐνες αλληλεπιδρούν με ένα πλήθος πρωτεϊνικών μορίων και επιτελούν τον ετερόκλητο λειτουργικό τους ρόλο.

Στο 5ο κεφάλαιο αναπτύσσουμε μια ολιστική και συνδυαστική προσέγγιση με σκοπό την έγκαιρη πρόβλεψη της επανεμφάνισης του στοματικού καρκίνου. Συγκεκριμένα i) αναλύουμε γενετικά δεδομένα για να εντοπίσουμε σε μικροσκοπικό επίπεδο τον βιολογικό μηχανισμό που καθοδηγεί την εξέλιξη της νόσου και στη συνέχεια ii) αναλύουμε πληροφορίες σχετικά με τις μακροσκοπικές εκφάνσεις του στοματικού καρκίνου σε απεικονιστικά δεδομένα καθώς και το κλινικό προφίλ του ασθενούς. Η προτεινόμενη πολυπαραγοντική και πολυεπίπεδη ανάλυση μας βοηθά να εντοπίσουμε τους παράγοντες που επιδρούν καθοριστικά στην εξέλιξη της νόσου και κατ' επέκταση να ανιχνεύσουμε έγκαιρα και με ακρίβεια μια ενδεχόμενη υποτροπή.

Η συνεισφορά της παρούσας διδακτορικής διατριβής εντοπίζεται στα ακόλουθα σημεία: (i) στην ανάδειξη του βιολογικού μηχανισμού που καθορίζει την διαμόρφωση του πεπτιδικού δεσμού, (ii) στον συστηματικό εντοπισμό λειτουργικών συσχετίσεων των πρωτεϊνικών περιοχών που φέρουν cis πεπτιδικούς δεσμούς, (iii) στην εξαγωγή ακολουθιακών προτύπων που σηματοδοτούν και επάγουν τις αλληλεπιδράσεις και λειτουργίες των ρεομορφικών πρωτεϊνών, (iv) στην συστηματική καταγραφή του

τρόπου με τον οποίο οι ρεομορφικές πρωτεΐνες συμμετέχουν σε γενετικές ασθένειες, (v) στην μελέτη του γενετικού υποβάθρου πολυπαραγοντικών ασθενειών (στοματικός καρκίνος) και την ανάδειξη γενετικών παραγόντων που συμβάλλουν στην εξέλιξή τους, (vi) στη συνδυαστική ανάλυση κλινικών και βιολογικών δεδομένων για την πολύπλευρη πλαίσιωση γενετικών ασθενειών, καταγράφοντας μεταβολές στα κύτταρα, τα συστήματα, τους ιστούς, μέχρι και ολόκληρο τον οργανισμό.

## Επιστημονικά περιοδικά

1. T.P. Exarchos, M.G. Tsiouras, **K.P. Exarchos**, C. Papaloukas, D.I. Fotiadis and L.K. Michalis, "A methodology for the automated creation of fuzzy expert systems for ischaemic and arrhythmic beat classification based on a set of rules obtained by a decision tree", *Artificial Intelligence in Medicine*, 40(3), pp. 187-200, 2007.

In the current work we propose a methodology for the automated creation of fuzzy expert systems, applied in ischaemic and arrhythmic beat classification. The proposed methodology automatically creates a fuzzy expert system from an initial training dataset. The approach consists of three stages: (a) extraction of a crisp set of rules from a decision tree induced from the training dataset, (b) transformation of the crisp set of rules into a fuzzy model and (c) optimization of the fuzzy model's parameters using global optimization. The above methodology is employed in order to create fuzzy expert systems for ischaemic and arrhythmic beat classification in ECG recordings. The fuzzy expert system for ischaemic beat detection is evaluated in a cardiac beat dataset that was constructed using recordings from the European Society of Cardiology ST-T database. The arrhythmic beat classification fuzzy expert system is evaluated using the MIT-BIH arrhythmia database. The fuzzy expert system for ischaemic beat classification reported 91% sensitivity and 92% specificity. The arrhythmic beat classification fuzzy expert system reported 96% average sensitivity and 99% average specificity for all categories. The proposed methodology provides high accuracy and the ability to interpret the decisions made. The fuzzy expert systems for ischaemic and arrhythmic beat classification compare well with previously reported results, indicating that they could be part of an overall clinical system for ECG analysis and diagnosis.

2. **K.P. Exarchos**, C. Papaloukas, T.P. Exarchos, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis, "Prediction of Cis/trans isomerization using feature selection and support vector machines", *Journal of Biomedical Informatics*, 42(1), pp. 140-149, 2009.

In protein structures the peptide bond is found to be in trans conformation in the majority of the cases. Only a small fraction of peptide bonds in proteins is reported to be in cis conformation. Most of these instances (>90%) occur when the peptide bond is an imide (X-Pro) rather than an amide bond (X-nonPro). Due to the implication of cis/trans isomerization in many biologically significant processes, the accurate prediction of the peptide bond conformation is of high interest. In this study, we evaluate the effect of a wide range of features, towards the reliable prediction of both proline and non-proline cis/trans isomerization. We use evolutionary profiles, secondary structure information, real-valued solvent accessibility predictions for each amino acid and the physicochemical properties of the surrounding residues. We also explore the predictive impact of a modified feature vector, which consists of condensed position-specific scoring matrices (PSSMX), secondary structure and solvent accessibility. The best discriminating ability is achieved using the first feature vector combined with a wrapper feature selection algorithm and a support vector

machine (SVM). The proposed method results in 70% accuracy, 75% sensitivity and 71% positive predictive value (PPV) in the prediction of the peptide bond conformation between any two amino acids. The output of the feature selection stage is investigated in order to identify discriminatory features as well as the contribution of each neighboring residue in the formation of the peptide bond, thus, advancing our knowledge towards cis/trans isomerization.

3. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis, "PBOND: Web server for the prediction of proline and non-proline cis/trans isomerization", *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, 2010.

PBOND is a web server that predicts the conformation of the peptide bond between any two amino acids. PBOND classifies the peptide bonds into one out of four classes, namely cis imide (cis-Pro), cis amide (cis-nonPro), trans imide (trans-Pro) and trans amide (trans-nonPro). Moreover, for every prediction a reliability index is computed. The underlying structure of the server consists of three stages: (1) feature extraction, (2) feature selection and (3) peptide bond classification. PBOND can handle both single sequences as well as multiple sequences for batch processing. The predictions can either be directly downloaded from the web site or returned via e-mail. The PBOND web server is freely available at <http://195.251.198.21/pbond.html>.

4. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis, "Detection of discriminative sequence patterns in the neighborhood of proline cis peptide bonds and their functional annotation", *BMC Bioinformatics*, 10(113), 2009.

Polypeptides are composed of amino acids covalently bonded via a peptide bond. The majority of peptide bonds in proteins is found to occur in the trans conformation. In spite of their infrequent occurrence, cis peptide bonds play a key role in the protein structure and function, as well as in many significant biological processes. We perform a systematic analysis of regions in protein sequences that contain a proline cis peptide bond in order to discover non-random associations between the primary sequence and the nature of proline cis/trans isomerization. For this purpose an efficient pattern discovery algorithm is employed which discovers regular expression-type patterns that are overrepresented (i.e. appear frequently repeated) in a set of sequences. Four types of pattern discovery are performed: i) exact pattern discovery, ii) pattern discovery using a chemical equivalency set, iii) pattern discovery using a structural equivalency set and iv) pattern discovery using certain amino acids' physicochemical properties. The extracted patterns are carefully validated using a specially implemented scoring function and a significance measure (i.e. log-probability estimate) indicative of their specificity. The score threshold for the first three types of pattern discovery is 0.90 while for the last type of pattern discovery 0.80. Regarding the significance measure, all patterns yielded values in the range [-9, -31] which ensure that the derived patterns are highly unlikely to have emerged by chance. Among the highest scoring patterns, most of them are consistent with previous investigations concerning the neighborhood of cis proline peptide bonds, and many new ones are identified. Finally, the extracted patterns are systematically compared against the PROSITE database, in order to gain insight into the functional implications of cis prolyl bonds. Cis patterns with matches in the PROSITE database fell mostly into two main functional clusters: family signatures and protein signatures. However considerable propensity was also observed for targeting signals, active and phosphorylation sites as well as domain signatures.

5. C. Lampros, C. Papaloukas, **K.P. Exarchos** and D.I. Fotiadis, "Improving the protein fold recognition accuracy of a reduced state-space Hidden Markov

model", *Computers in Biology and Medicine*, 39(10), pp. 907-914, 2009.

Fold recognition is a challenging field strongly associated with protein function determination, which is crucial for biologists and the pharmaceutical industry. Hidden Markov models (HMMs) have been widely used for this purpose. In this paper we demonstrate how the fold recognition performance of a recently introduced HMM with a reduced state-space topology can be improved. Our method employs an efficient architecture and a low complexity training algorithm based on likelihood maximization. The fold recognition performance of the model is further improved in two steps. In the first step we use a smaller model architecture based on the {E,H,L} alphabet instead of the DSSP secondary structure alphabet. In the second step secondary structure information (predicted or true) is additionally used in scoring the test set sequences. The Protein Data Bank and the annotation of the SCOP database are used for the training and evaluation of the proposed methodology. The results show that the fold recognition accuracy is substantially improved in both steps. Specifically, it is increased by 2.9% in the first step to 22%. In the second step it further increases and reaches up to 30% when predicted secondary structure information is additionally used and it increases even more and reaches up to 34.7% when we use the true secondary structure. The major advantage of the proposed improvements is that the fold recognition performance is substantially increased while the size of the model and the computational complexity of scoring are decreased.

6. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Unification of heterogeneous data towards the prediction of oral cancer reoccurrence", *CEUR WS*, pp. 24-35, 2009.

Oral cancer is the predominant neoplasm of the head and neck. Annually, more than 500.000 new cases of oral cancer are reported, worldwide. After the initial treatment of cancer and its complete disappearance, a state called remission, reoccurrence rates still remain quite high and the early identification of such relapses is a matter of great importance. Up to now, several approaches have been proposed for this purpose yielding however, unsatisfactory results. This is mainly attributed to the fragmented nature of these studies which took into account only a limited subset of the factors involved in the development and reoccurrence of oral cancer. In this work we propose a unified and orchestrated approach based on Dynamic Bayesian Networks (DBNs) for the prediction of oral cancer reoccurrence after the disease has reached remission. Several heterogeneous data sources featuring clinical, imaging and genomic information are assembled and analyzed over time, in order to procure new and informative biomarkers which correlate with the progression of the disease and identify early potential relapses (local or metastatic) of the disease.

7. C. Lampros, T. Simos, T.P. Exarchos, **K.P. Exarchos**, C. Papaloukas and D.I. Fotiadis, "Assessment of optimized Markov models in protein fold classification", *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 2014.

Protein fold classification is a challenging task strongly associated with the determination of proteins' structure. In this work, we tested an optimization strategy on a Markov chain and a recently introduced Hidden Markov Model (HMM) with reduced state-space topology. The proteins with unknown structure were scored against both these models. Then the derived scores were optimized following a local optimization method. The Protein Data Bank (PDB) and the annotation of the Structural Classification of Proteins (SCOP) database were used for the evaluation of the proposed methodology. The results demonstrated that the fold classification accuracy of the optimized HMM was substantially higher compared to that of the Markov chain or the reduced state-space HMM approaches. The proposed methodology achieved an accuracy of 41.4% on fold classification, while Sequence Alignment and Modeling (SAM), which was used for comparison, reached an accuracy of 38%.

8. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, G. Rigas and D.I. Fotiadis, "Extraction of consensus protein patterns in regions containing non-proline cis peptide bonds and their functional assessment", *BMC Bioinformatics*,12(142), 2011.

In peptides and proteins, only a small percentile of peptide bonds adopts the cis configuration. Especially in the case of amide peptide bonds, the amount of cis conformations is quite limited thus hampering systematic studies, until recently. However, lately the emerging population of databases with more 3D structures of proteins has produced a considerable number of sequences containing non-proline cis formations (cis-nonPro). In our work, we extract regular expression-type patterns that are descriptive of regions surrounding the cis-nonPro formations. For this purpose, three types of pattern discovery are performed: i) exact pattern discovery, ii) pattern discovery using a chemical equivalency set, and iii) pattern discovery using a structural equivalency set. Afterwards, using each pattern as predicate, we search the Eukaryotic Linear Motif (ELM) resource to identify potential functional implications of regions with cis-nonPro peptide bonds. The patterns extracted from each type of pattern discovery are further employed, in order to formulate a pattern-based classifier, which is used to discriminate between cis-nonPro and trans-nonPro formations. In terms of functional implications, we observe a significant association of cis-nonPro peptide bonds towards ligand/binding functionalities. As for the pattern-based classification scheme, the highest results were obtained using the structural equivalency set, which yielded 70% accuracy, 77% sensitivity and 63% specificity.

9. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis, D.I. Fotiadis, "A multiscale and multiparametric approach for modeling the progression of oral cancer", *IEEE Transactions on Biomedical Engineering (IEEE TBME)*, 2011.

In this work we propose a multilevel modeling approach, integrating a multitude of heterogeneous data, in order to model the growth and progression of oral squamous cell carcinoma after remission. Specifically, we employ clinical, imaging and tissue genomic data from the baseline state aiming at the discrimination of patients in high and low risk groups in terms of relapse. Moreover, we collect and analyze gene expression data from circulating blood cells throughout the follow-up period, towards modeling the temporal dimension of the disease. Hence, we capture the underlying mechanism dictating the disease evolution and employ it for monitoring the status and prognosis of the patients after remission

10. M. Picone, S. Steger, **K.P. Exarchos**, M. Fazio, Y. Goletsis, D.I. Fotiadis, E. Martinelli, D. Ardigo, "Enabling heterogeneous data integration and biomedical event prediction through ICT: the test case of cancer reoccurrence", *Advances in Experimental Medicine and Biology*, 696, pp. 367-375, 2011.

Early prediction of cancer reoccurrence constitutes a challenge for oncologists and surgeons. This chapter describes one ongoing experience, the EU-Project NeoMark, where scientists from different medical and biology research fields joined efforts with Information Technology experts to identify methods and algorithms that are able to early predict the reoccurrence risk for one of the most devastating tumors, the oral cavity squamous cell carcinoma (OSCC). The challenge of NeoMark is to develop algorithms able to identify a "signature" or bio-profile of the disease, by integrating multiscale and multivariate data from medical images, genomic profile from tissue and circulating cells RNA, and other medical parameters collected from patients before and after treatment. A limited number of relevant biomarkers will be identified



and used in a real-time PCR device for early detection of disease reoccurrence.

11. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "A Multiscale and Multiparametric Approach for Modeling the Progression of Oral Cancer", *BMC Medical Informatics and Decision Making*, vol. 12, no. 136, 2012.

In this work, we propose a multilevel and multiparametric approach in order to model the growth and progression of oral squamous cell carcinoma (OSCC) after remission. OSCC constitutes the major neoplasm of the head and neck region, exhibiting a quite aggressive nature, often leading to unfavorable prognosis. We formulate a Decision Support System assembling a multitude of heterogeneous data sources (clinical, imaging tissue and blood genomic), aiming to capture all manifestations of the disease. Our primary aim is to identify the factors that dictate OSCC progression and subsequently predict potential relapses of the disease. The discrimination potential of each source of data is initially explored separately, and afterwards the individual predictions are combined to yield a consensus decision achieving complete discrimination between patients with and without a disease relapse. Moreover, we collect and analyze gene expression data from circulating blood cells throughout the follow-up period in consecutive time-slices, in order to model the temporal dimension of the disease. For this purpose a Dynamic Bayesian Network (DBN) is employed which is able to capture in a transparent manner the underlying mechanism dictating the disease evolution, and employ it for monitoring the status and prognosis of the patients after remission. By feeding as input to the DBN data from the baseline visit we achieve accuracy of 86%, which is further improved to complete discrimination when data from the first follow-up visit are also employed. Knowing in advance the progression of the disease, i.e. identifying groups of patients with higher/lower risk of reoccurrence, we are able to determine the subsequent treatment protocol in a more personalized manner.

12. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Multiparametric Decision Support System for the Prediction of Oral Cancer Reoccurrence", *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine (IEEE TITB)*, vol. 15, pp. 1127-1134, 2012.

Oral squamous cell carcinoma (OSCC) constitutes the predominant neoplasm of the head and neck region, featuring particularly aggressive nature, associated with quite unfavorable prognosis. In this work we formulate a Decision Support System (DSS) which integrates a multitude of heterogeneous data (clinical, imaging and genomic), thus, framing all manifestations of the disease. Our primary aim is to identify the factors that dictate OSCC progression and subsequently predict potential relapses (local or metastatic) of the disease. The discrimination potential of each source of data is initially explored separately, and afterwards the individual predictions are combined to yield a consensus decision achieving complete discrimination between patients with and without a disease relapse.

13. N. Bertani, S. Rossi, T. Poli, E.M. Silini, G. Chiari, D. Ardigo, **K.P. Exarchos**, E. Sesenna, R. Perris, "Risk Prediction of Tumor Relapse in Oral Cancer by Multi-parametric Marker Integration", *European Journal of Cancer*, vol. 48, 2012.

Oral cavity cancers are the 7th tumor by diffusion worldwide and more than 90% are Oral Squamous Cell Carcinomas (OSCC). Late diagnosis and the aggressive nature of the disease cause tumor relapse in 25%-50% of cases. Despite different clinical and biomolecular prognostic factors have been reported, none of them show sufficient accuracy in discriminating relapsing versus non-relapsing patients. We have therefore elaborated an integrated platform for prospective prognostic clusterization of OSCC patients that comprehensively takes into account clinical parameters,

radiological images, histopathological traits and gene expression patterns of their primary tumor Lesions. The study was performed on 129 enrolled OSCC patients surgically treated and followed up for at least 18 months. Clinical and imaging data were collected at the time of diagnosis and during follow-up; smoke, alcohol consumption and other risk factors were noted. Surgical specimens of primary lesions were collected and processed for histological diagnoses and classified according to the TNM staging system. Moreover, fresh tumor tissue samples were immediately frozen and used to extract DNA and RNA for molecular studies. Genome-wide expression profile was obtained by DNA microarray and the most representative genes were validated using qPCR by TaqMan Low Density Arrays. Pooled samples of normal epithelia of the oral cavity were used as a reference tissues in all molecular analyses. Through bioinformatic algorithms and dedicated software tools, gene expression profiles from relapsing and non-relapsing patients were compared and integrated with clinical, imaging and histopathological data to extract a multi-parametric platform for relapse prediction. This system identified as remarkable parameters N staging, perineural invasion, smoke, lymphoplasmacytic reaction, p53 stain, tumor thickness, extra tumor and extra nodal spreading, number of lymph nodes, site, texture and PHACTR1, SOD2, C17orf71, RPRM, CRYAA, ZNF205, AMDHD1, SLC5A12, C21orf87 as the most modulated genes. Our analyses prove that multi-parametric evaluation of clinical and biological traits of OCSS patients at time of diagnosis and after surgical intervention on primary tumors may be exploitable for a prediction of higher risk of relapse with a superior accuracy of any currently reported system and open for the implementation of an individualized and more tailored management of OCSS patients.

14. K. Kalantzaki, E.S. Bei, **K.P. Exarchos**, M. Zervakis, M. Garofalakis and D.I. Fotiadis, "Nonparametric Network Design and Analysis of Disease Genes in Oral Cancer Progression", IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2013.

#### **Featured Article in Research Highlights**

Biological networks in living organisms can be seen as the ultimate means of understanding the underlying mechanisms in complex diseases, such as oral cancer. During the last decade, many algorithms based on high-throughput genomic data have been developed to unravel the complexity of gene network construction and their progression in time. However, the small size of samples compared to the number of observed genes makes the inference of the network structure quite challenging. In this study, we propose a framework for constructing and analyzing gene networks from sparse experimental temporal data and investigate its potential in oral cancer. We use two network models based on partial correlations and kernel density estimation, in order to capture the genetic interactions. Using this network construction framework on real clinical data of the tissue and blood at different time stages, we identified common disease-related structures that may decipher the association between disease state and biological processes in oral cancer. Our study emphasizes an altered MET (hepatocyte growth factor receptor) network during oral cancer progression. In addition, we demonstrate that the functional changes of gene interactions during oral cancer progression might be particularly useful for patient categorization at the time of diagnosis and/or at follow-up periods.

15. **K.P. Exarchos**, K. Kourou, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, M. Karamouzis, D.I. Fotiadis, "Sequence patterns mediating functions of disordered proteins", Advances in Experimental Medicine and Biology, 2014.

Disordered proteins lack specific 3D structure in their native state and have been implicated with numerous cellular functions as well as with the induction of severe diseases, e.g., cardiovascular and neurodegenerative diseases as well as diabetes. Due to their conformational flexibility they are often found to interact with a multitude

of protein molecules; this one-to-many interaction which is vital for their versatile functioning involves short consensus protein sequences, which are normally detected using slow and cumbersome experimental procedures. In this work we exploit information from disorder-oriented protein interaction networks focused specifically on humans, in order to assemble, by means of overrepresentation, a set of sequence patterns that mediate the functioning of disordered proteins; hence, we are able to identify how a single protein achieves such functional promiscuity. Next, we study the sequential characteristics of the extracted patterns, which exhibit a striking preference towards a very limited subset of amino acids; specifically, residues leucine, glutamic acid, and serine are particularly frequent among the extracted patterns, and we also observe a nontrivial propensity towards alanine and glycine. Furthermore, based on the extracted patterns we set off to infer potential functional implications in order to verify our findings and potentially further extrapolate our knowledge regarding the functioning of disordered proteins. We observe that the extracted patterns are primarily involved with regulation, binding and posttranslational modifications, which constitute the most prominent functions of disordered proteins.

16. **K.P. Exarchos**, C. Carpeggiani, G. Rigas, T.P. Exarchos, F. Vozzi, A. Sakellarios, P. Marraccini, K. Naka, L. Michalis, O. Parodi, D.I. Fotiadis, "A multiscale approach for modeling atherosclerosis progression", *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 2014.

Progression of atherosclerotic process constitutes a serious and quite common condition due to accumulation of fatty materials in the arterial wall, consequently posing serious cardiovascular complications. In this paper, we assemble and analyze a multitude of heterogeneous data in order to model the progression of atherosclerosis (ATS) in coronary vessels. The patient's medical record, biochemical analytes, monocyte information, adhesion molecules, and therapy-related data comprise the input for the subsequent analysis. As indicator of coronary lesion progression, two consecutive coronary computed tomography angiographies have been evaluated in the same patient. To this end, a set of 39 patients is studied using a twofold approach, namely, baseline analysis and temporal analysis. The former approach employs baseline information in order to predict the future state of the patient (in terms of progression of ATS). The latter is based on an approach encompassing dynamic Bayesian networks whereby snapshots of the patient's status over the follow-up are analyzed in order to model the evolvement of ATS, taking into account the temporal dimension of the disease. The quantitative assessment of our work has resulted in 93.3% accuracy for the case of baseline analysis, and 83% overall accuracy for the temporal analysis, in terms of modeling and predicting the evolvement of ATS. It should be noted that the application of the SMOTE algorithm for handling class imbalance and the subsequent evaluation procedure might have introduced an overestimation of the performance metrics, due to the employment of synthesized instances. The most prominent features found to play a substantial role in the progression of the disease are: diabetes, cholesterol and cholesterol/HDL. Among novel markers, the CD11b marker of leukocyte integrin complex is associated with coronary plaque progression.

17. K. Kourou, T.P. Exarchos, **K.P. Exarchos**, M. Karamouzis, D.I. Fotiadis, "Machine Learning Applications in Cancer Prognosis and Prediction", *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 2014.

Cancer has been characterized as a heterogeneous disease consisting of many different subtypes. The early diagnosis and prognosis of a cancer type have become a necessity in cancer research, as it can facilitate the subsequent clinical management of patients. The importance of classifying cancer patients into high or low risk groups has led many research teams, from the biomedical and the

bioinformatics field, to study the application of machine learning (ML) methods. Therefore, these techniques have been utilized as an aim to model the progression and treatment of cancerous conditions. In addition, the ability of ML tools to detect key features from complex datasets reveals their importance. A variety of these techniques, including Artificial Neural Networks (ANNs), Bayesian Networks (BNs), Support Vector Machines (SVMs) and Decision Trees (DTs) have been widely applied in cancer research for the development of predictive models, resulting in effective and accurate decision making. Even though it is evident that the use of ML methods can improve our understanding of cancer progression, an appropriate level of validation is needed in order for these methods to be considered in the everyday clinical practice. In this work, we present a review of recent ML approaches employed in the modeling of cancer progression. The predictive models discussed here are based on various supervised ML techniques as well as on different input features and data samples. Given the growing trend on the application of ML methods in cancer research, we present here the most recent publications that employ these techniques as an aim to model cancer risk or patient outcomes.

18. K. Kourou, G. Rigas, **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis, T. Exarchos, S. Jacobs, B. Meyns, M. Trivella, D.I. Fotiadis, "Prediction of time dependent survival in HF patients after VAD implantation using pre and post-operative data", *Computers in Biology and Medicine*, 2015.

Heart failure is one of the most common diseases worldwide. In recent years, Ventricular Assist Devices (VADs) have become a valuable option for patients with advanced HF. Although it has been shown that VADs improve patient survival rates, several complications persist during left VAD (LVAD) support. The stratification scores currently employed are mostly generic, i.e. not specifically built for LVAD patients, and are based on pre-implantation patient data. In this work we apply data mining approaches for the prediction of time dependent survival in patients after LVAD implantation. Moreover, the predictions acquired with the use of pre-implantation data are enriched by employing post-implantation data, i.e. follow-up data. Different clinical scenarios have been depicted and the subsequent conditions are tested in order to identify the optimal set of pre- and post-implant features, as well as the most suitable algorithms for feature selection and prediction. The proposed approach is applied to a real dataset of 71 patients, reporting an accuracy of 84.5%, sensitivity of 87% and specificity of 82%. Based on the reported results, expert cardio-surgeons can be supported in planning the treatment of VAD patients.

19. **K.P. Exarchos**, A.Gogali, A.Sioutkou, C.Chronis, S.Peristeri, K.Kostikas, "Validation of the portable Bluetooth® Air Next spirometer in patients with different respiratory diseases", *Respiratory Research*, 2020.

**Background:** Chronic respiratory diseases constitute a considerable part in the practice of pulmonologists and primary care physicians; spirometry is integral for the diagnosis and monitoring of these diseases, yet remains underutilized. The Air Next spirometer (NuvoAir, Sweden) is a novel ultra-portable device that performs spirometric measurements connected to a smartphone or tablet via Bluetooth®.

**Methods:** The objective of this study was to assess the accuracy and validity of these measurements by comparing them with the ones obtained with a conventional desktop spirometer. Two hundred subjects were enrolled in the study with various spirometric patterns (50 patients with asthma, 50 with chronic obstructive pulmonary disease and 50 with interstitial lung disease) as well as 50 healthy individuals.

**Results:** For the key spirometric parameters in the interpretation of spirometry, i.e. FEV1, FVC, FEV1/FVC and FEF25–75%, Pearson correlation and Interclass Correlation Coefficient were greater than 0.94, exhibiting perfect concordance between the two spirometers. Similar results were observed in an exploratory analysis of the subgroups

of patients. Using Bland-Altman plots we have shown good reproducibility in the measurements between the two devices, with small mean differences for the evaluated spirometric parameters and the majority of measurements being well within the limits of agreement. **Conclusions:** Our results support the use of Air Next as a reliable spirometer for the screening and diagnosis of various spirometric patterns in clinical practice.

20. **K.P. Exarchos**, M. Beltsiou, C-A. Votti, K.T. Kostikas, “Artificial Intelligence techniques in Asthma: A systematic review and critical appraisal of the existing literature”, *European Respiratory Journal*, 2020.

**Background:** Artificial Intelligence (AI) when coupled with large amounts of well characterised data can yield models that are expected to facilitate clinical practice and contribute to the delivery of better care, especially in chronic diseases such as asthma. **Objective:** The purpose of this paper is to review the utilisation of AI techniques in all aspects of asthma research, i.e. from asthma screening and diagnosis, to patient classification and the overall asthma management and treatment, in order to identify trends, draw conclusions and discover potential gaps in the literature. **Methods:** We conducted a systematic review of the literature using PubMed and DBLP from 1988 up to 2019, yielding 425 articles; after removing duplicate and irrelevant articles, 98 were further selected for detailed review. **Results:** The resulting articles were organised in four categories, and subsequently compared based on a set of qualitative and quantitative factors. Overall, we observed an increasing adoption of AI techniques for asthma research, especially within the last decade. **Conclusions:** AI is a scientific field that is in the spotlight, especially the last decade. In asthma there are already numerous studies, however, there are certain unmet needs that need to be further elucidated.

21. E. Stergiou, **K.P. Exarchos**, “Myths about COVID-19 in the social media”, *Journal of Infectious Diseases and Research*, 2020.

Nowadays, the whole world is facing the consequences of a unique pandemic such as covid-19. This pandemic has put immense pressure on each country's healthcare system causing serious economical and social problems. The role of social media is as important as ever, contributing in their own way to informing people about this new disease. On the other hand, it is unfortunate that they can cause serious problems when they become a means to spread myths, misinformation and fake news, an obstacle that public health and government officials have to overcome in order to be effective on their efforts against this pandemic. Even though social media is a very effective tool of spreading information globally towards huge numbers of users, they also bear certain disadvantages. This report is a review about the myths regarding the coronavirus causes and treatment which have aroused from the beginning of covid-19 outbreak. Myths having to do either with the virus origin or its treatments, as well as with conspiracy theories that the virus was artificially created in laboratories. These are some of the myths that found a way to be communicated through social media platforms, sometimes leading to dangerous acts for public safety, either by not taking precautions, such as quarantine or social distancing seriously or by using drugs and other substances to treat this new disease for which treatment is yet to be found. For this report we systematically searched articles in the PubMed repository, the World Health Organization and other health related literature; our purpose is to summarize available literature aiming to inform people about using social media responsibly as an effective tool in the fight against the pandemic with reliable information provided to the public.

22. C. Kyriakopoulos, A. Gogali, **K.P. Exarchos**, et al, "Reduction in hospitalisations for respiratory diseases during the first COVID-19 wave in Greece", *Respiration*, 2021.

23. **K.P. Exarchos**, C. Chronis, L. Lipirou, V. Sakkas, K. Kostikas, "Stratification of patients with Chronic Obstructive Pulmonary Disease using Volatile Organic Compounds", *Advances in Experimental Medicine and Biology*, 2021.

Chronic Obstructive Pulmonary Disease (COPD) is a common disease that causes long-term disability and death. Its natural history is punctuated by acute worsening of symptoms, called exacerbations, that are associated with increased mortality and hospitalization. In this work we aim to stratify patients with COPD based on their risk for exacerbation; for this purpose we employ non-invasive biomarkers, i.e. Volatile Organic Compounds (VOCs), acquired from the patients' exhaled breath coupled with their spirometry and age. We utilize a series of classification schemes with the best performing one achieving overall Accuracy=93.5%. The yielded results are therefore encouraging and prompt for further investigation towards the utilization of VOCs in the management of COPD.

24. **K.P. Exarchos** and K. Kostikas, "Artificial Intelligence in COPD: possible applications and future prospects", *Respirology*, 2021.

The cornerstone of Artificial Intelligence (AI) is its inherent ability to learn from past experience, thus mimicking the human mind and deviating from traditional approaches with predefined rules. The (machine) learning process involves examples shown to the algorithm for training purposes and its performance is then assessed with new and unseen examples. Specifically, during the training phase the dependencies of the algorithm are defined, and these dependencies are used to predict the outcomes for the new data. Data mining is the process encompassing the lower level programming steps in an attempt to discover interesting and useful patterns from large volumes of complex data.

25. K. Kourou, **K.P. Exarchos**, C. Papaloukas, P. Sakaloglou, T.P. Exarchos, "Applied machine learning in cancer research: a systematic review for patient diagnosis, classification and prognosis", *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 2021.

Artificial Intelligence (AI) has recently altered the landscape of cancer research and medical oncology using traditional Machine Learning (ML) algorithms and cutting-edge Deep Learning (DL) architectures. In this review article we focus on the ML aspect of AI applications in cancer research and present the most indicative studies with respect to the ML algorithms and data used. The PubMed and dblp databases were considered to obtain the most relevant research works of the last five years. Based on a comparison of the proposed studies and their research clinical outcomes concerning the medical ML application in cancer research, three main clinical scenarios were identified. We give an overview of the well-known DL and Reinforcement Learning (RL) methodologies, as well as their application in clinical practice, and we briefly discuss Systems Biology in cancer research. We also provide

a thorough examination of the clinical scenarios with respect to disease diagnosis, patient classification and cancer prognosis and survival. The most relevant studies identified in the preceding year are presented along with their primary findings. Furthermore, we examine the effective implementation and the main points that need to be addressed in the direction of robustness, explainability and transparency of predictive models. Finally, we summarize the most recent advances in the field of AI/ML applications in cancer research and medical oncology, as well as some of the challenges and open issues that need to be addressed before data-driven models can be implemented in healthcare systems to assist physicians in their daily practice.

## Συνέδρια

1. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis, “Predicting peptide bond conformation using feature selection and the Naïve Bayes approach”, 29th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (IEEE EMBC 2007), Lyon, France.

Distinguishing cis peptide bonds from trans isomers in protein sequences facilitates the exploration of protein structures and functions. In this study, we evaluated the effect of a large and informative feature vector, towards the reliable prediction of peptide bond conformation between any two amino acids. We used multiple sequence alignment, secondary structure information, real valued solvent accessibility predictions for each amino acid and physicochemical properties of the surrounding residues. A three stage schema was developed, comprising of feature extraction, feature selection and peptide bond classification between any two amino acids. We also explored the performance achieved when using the full feature vector without performing feature selection. The best discriminating ability was achieved using a Naïve Bayes classifier, combined with wrapper feature selection. The proposed approach yielded prediction accuracy 86%, sensitivity 82% and specificity 90% in discriminating cis and trans peptide bond conformations.

2. C. Lampros, C. Papaloukas, **K.P. Exarchos** and D.I. Fotiadis, “Improvement in fold recognition accuracy of a reduced-state-space hidden markov model by using secondary structure information in scoring”, 29th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (IEEE EMBC 2007), Lyon, France.

Fold recognition is a challenging field strongly related with function determination which is of high interest for the biologists and the pharmaceutical industry. Hidden Markov Models (HMMs) have been largely applied for this purpose. In this work, the fold recognition accuracy of a recently introduced Hidden Markov Model with a reduced state-space topology is improved. This model employs an efficient architecture and a low complexity training algorithm based on likelihood maximization. Currently we further improve the fold recognition accuracy of the proposed model in two steps. In the first step we adopt a smaller model architecture based on {E,H,L} alphabet instead of DSSP secondary structure alphabet. In the second step we additionally use the predicted and the correct secondary structure information in scoring of the test set sequences. The dataset, used for the evaluation of the proposed methodology, comes from the SCOP and PDB databases. The results show that the fold recognition performance increases significantly in both steps.

3. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis,

“Identification of sequence patterns associated with proline cis/trans isomerization”, 7th European Conference on Computational Biology (ECCB 2008), Cagliari, Sardinia.

#### **Βραβείο καλύτερης εργασίας**

We perform a systematic analysis of regions in protein sequences that contain a proline cis peptide bond in order to discover non-random associations between the primary sequence and the nature of proline cis/trans isomerization. Regular expression-type patterns that are overrepresented in a set of sequences are detected using a combinatorial pattern discovery-based approach. The extracted patterns are then carefully validated resulting to a set of highly selective patterns. The assessment of the derived patterns might further contribute to the biological interpretation of cis prolyl bonds.

4. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, A.N. Troganis and D.I. Fotiadis, “Systematic elicitation of sequence patterns associated with non-proline cis peptide bonds”, 8th International Conference on Bioinformatics and BioEngineering (BIBE 2008), Athens, Greece.

Non-proline cis peptide bonds have been quite underrated for many years, due to the limited amount of structural information available. There is now significant evidence that non-proline cis peptide bonds occur more frequently than previously thought, and that they are often located at or near important sites of the protein molecule. In this work, we employ a combinatorial pattern discovery algorithm in order to identify simple and specific amino acid patterns, associated with the occurrence of non-proline cis peptide bonds in proteins. The derived patterns after careful validation help in gaining insight into the factors that influence the formation of non-proline cis peptide bonds.

5. **K.P. Exarchos**, G. Rigas, Y. Goletsis, D. Ardigo and D.I. Fotiadis, “Oral cancer reoccurrence prediction using Dynamic Bayesian Networks”, 4th International Conference on Computational BioEngineering (ICCB 2009), Bertinoro, Italy.

In the present study we integrate several clinical, imaging and genomic data in order to predict the reoccurrence of the disease after remission. As the patient regularly visits the doctor for predefined follow-ups (i.e. 1, 3, 6, 9, 12, 15 and 18 months after treatment) each time we have a ‘snapshot’ of the patient. The modeling goal is to exploit history ‘snapshots’ for reasoning about reoccurrence in the next period.

The proposed prognostic model is based on dynamic Bayesian Networks (DBNs). DBNs are temporal extensions of Bayesian Networks (BNs) (Murphy, 2002). In order to build an efficient model, we need to train both the structure of the DBN and the parameters of the conditional probability distributions, using both expert knowledge as a prior model and experimental data to deduce a more accurate posterior model.

6. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, “Unification of heterogeneous data towards the prediction of oral cancer reoccurrence”, 5th IFIP Conference on Artificial Intelligence Applications and Innovations (AIAI 2009) - Workshop on Biomedical Informatics and Intelligent Approaches in the support of Genomic Medicine (BMINT 2009), Thessaloniki, Greece.

Oral cancer is the predominant neoplasm of the head and neck. Annually, more than 500.000 new cases of oral cancer are reported, worldwide. After the initial treatment of cancer and its complete disappearance, a state called remission, reoccurrence rates still remain quite high and the early identification of such relapses is a matter of great importance. Up to now, several approaches have been proposed for this



purpose yielding however, unsatisfactory results. This is mainly attributed to the fragmented nature of these studies which took into account only a limited subset of the factors involved in the development and reoccurrence of oral cancer. In this work we propose a unified and orchestrated approach based on Dynamic Bayesian Networks (DBNs) for the prediction of oral cancer reoccurrence after the disease has reached remission. Several heterogeneous data sources featuring clinical, imaging and genomic information are assembled and analyzed over time, in order to procure new and informative biomarkers which correlate with the progression of the disease and identify early potential relapses (local or metastatic) of the disease.

7. **K.P. Exarchos**, G. Rigas and D.I. Fotiadis, "Evolutionarily driven algorithm for the quantification of protein patterns' similarity", 17th Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB 2009) and 8th European Conference on Computational Biology (ECCB 2009), Stockholm, Sweden.

In this work we propose an evolutionarily driven algorithm which quantifies the statistical similarity between two regular expression-type protein patterns. The algorithm takes into account the amino acids' substitution probabilities and their frequency for occurrence in nature. The purpose of the algorithm is twofold: i) determine whether a newly discovered, protein pattern resembles any previously discovered pattern and consequently ii) identify the functional propensity of this pattern, by comparing it against the PROSITE database.

8. **K.P. Exarchos**, G. Rigas and D.I. Fotiadis, "pCOMPARE: an evolutionarily driven algorithm for the quantification of protein patterns' similarity", ISMB Students Council Symposium 2009.

#### **Βραβείο καλύτερης εργασίας**

pCOMPARE is an evolutionarily driven algorithm for the quantification of the statistical similarity between two regular expression-type protein patterns. Protein patterns refer to short sequences of amino acids that are important to the functioning of the cell (e.g. active sites, binding sites, etc). The purpose of the algorithm is twofold: i) Determine whether a newly discovered pattern resembles any previously reported pattern, ii) Consequently, identify the functional propensity of a pattern by comparing it against characterized patterns deposited in PROSITE and ELM.

9. **K.P. Exarchos**, G. Rigas, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Dynamic Bayesian Networks for disease evolution monitoring: the test case of oral cancer reoccurrence", 4th Conference of the Hellenic Society for Computational Biology (HSCBB 2009), Athens, Greece.

#### **Βραβείο καλύτερης παρουσίασης**

In the present study we integrate several clinical, imaging and genomic data in order to predict the reoccurrence of the disease after remission. As the patient regularly visits the doctor for predefined follow-ups (i.e. 1, 3, 6, 9, 12, 15 and 18 months after treatment) each time we have a 'snapshot' of the patient. The modeling goal is to exploit history 'snapshots' for reasoning about reoccurrence in the next period. The proposed prognostic model is based on dynamic Bayesian Networks (DBNs).

10. **K.P. Exarchos**, G. Rigas, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "A multilevel and multiscale approach for the prediction of oral cancer reoccurrence", XII Mediterranean Conference on Medical and Biological Engineering and Computing (Medicon 2010), Chalkidiki, Greece.

Oral cancer is the predominant neoplasm of the head and neck. Annually, more than 0.5 million new patients are diagnosed with oral cancer, worldwide. After the initial treatment and patient remission, reoccurrence rates still remain quite high. Early identification of such relapses is of crucial significance. Up to now, several approaches have been proposed for this purpose yielding however, unsatisfactory results. This is mainly attributed to the non-unified nature of these studies which focus only on a subset of the factors involved in the development and reoccurrence of oral cancer. Here we propose an orchestrated approach based on Dynamic Bayesian Networks (DBNs) for the prediction of a potential relapse after the disease has reached remission. A broad range of heterogeneous data sources featuring clinical, imaging and genomic information are assembled and analyzed during a predefined time-span, in order to decipher new and informative feature groups that correlate significantly with the progression of the disease and identify early potential relapses (local or metastatic) of the disease.

11. **K.P. Exarchos**, G. Rigas, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Modeling of oral cancer progression using Dynamic Bayesian Networks", International Conference on Biomedical Data and Knowledge Mining: Towards Biomarker Discovery (DMBIO 2010), Chania, Greece.

Oral cancer constitutes the eighth most common cancer worldwide (Haddad and Shin, 2008), presenting rather high percentages of relapsers, after remission. In this work we propose an orchestrated approach which combines a wide range of heterogeneous data to early identify potential relapses of the disease.

12. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis, F.G. Kalatzis, N. Giannakeas, V. Oikonomou and D.I. Fotiadis, "NeoMark: ICT platform for the prediction of oral cancer reoccurrence", VPH Network of Excellence (VPH-NoE 2010), Brussels, Belgium.

In the present study we propose an advanced framework that implements heterogeneous sources of data towards the prediction of oral cancer reoccurrence in patients that have reached remission. A large amount of clinical, genomic and imaging features are analyzed in order to extract biomarkers that are highly associated with relapses of oral cancer. Thus, we overcome a major limitation of similar studies in the field that employ only a confined subset of features that are associated with oral cancer. Another significant challenge is to capture the disease progression over time. For this purpose we employ DBNs, which are specifically designed to represent temporal causalities. The inclusion of the time dimension is very important as most doctors are interested – even with a rough approximation – in the timing of the reoccurrence. Furthermore, DBNs are able to provide reasoning for the reported decisions, thanks to their transparent architecture. This characteristic is very appealing, if not prerequisite by the medical community. Hence, not only we are able to predict a certain outcome but also gain insight about the rationale of every decision. In overall, the currently proposed framework contributes significantly towards the monitoring of oral cancer evolvement since it can answer if, when and why a reoccurrence might appear.

13. M. Picone, S. Steger, **K.P. Exarchos**, M. Fazio, G. Chiari, D. Ardigo, E. Martinelli, "NeoMark: how to predict oral cancer recurrence through multiscale data analysis", VPH Network of Excellence (VPH-NoE 2010), Brussels, Belgium.

Early prediction of cancer reoccurrence constitutes a challenge for oncologists and surgeons. In the EU-Project NeoMark, scientists from different medical and biology research fields joined efforts with Information Technology experts to identify

methods and algorithms able to early predict the reoccurrence risk for OSCC. The main challenge is to design and develop algorithms able to identify a “signature” or bio-profile of the disease, by integrating multiscale and multivariate data from medical images, genomic profile from tissue and circulating cells RNA and other medical parameters collected from patients before and after treatment. A limited number of relevant biomarkers will be identified and used in a real-time PCR device, for early detection of disease reoccurrence. The idea behind NeoMark is that, by analyzing a sufficient set of different types of data (clinical, biomedical, genomic, histological, from digital imaging, from surgery evidence, etc.) of patients affected by OSCC before treatment and at the time of remission, a set of relevant biomarkers appearing only in presence of the disease might be identified. The recurrence of the same biomarker phenotype during post-remission follow-up may precede the clinical manifestation of the relapse thus allowing earlier intervention.

14. **K.P. Exarchos**, G. Rigas, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Towards building a Dynamic Bayesian Network for monitoring oral cancer progression using time-course gene expression data", 10th IEEE International Conference on Information Technology and Applications in Biomedicine (ITAB 2010), Corfu, Greece.

In this work we present a methodology for modeling and monitoring the evolvement of oral cancer in remittent patients during the post-treatment follow-up period. Our primary aim is to calculate the probability that a patient will develop a relapse but also to identify the approximate time-frame that this relapse is prone to appear. To this end, we start off by analyzing a broad set of time-course gene expression data in order to identify a set of genes that are mostly differentially expressed between patients with and without relapse and are therefore discriminatory and indicative of a disease reoccurrence evolvement. Next, we employ the maintained genes coupled with a patient-specific risk indicator in order to build upon them a Dynamic Bayesian Network (DBN) able to stratify patients based on their probability for a disease reoccurrence, but also pinpoint an approximate time-frame that the relapse might appear.

15. **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis, T. Poli and D.I. Fotiadis, "Gene expression profiling towards the prediction of oral cancer reoccurrence", accepted in 33rd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC 2011).

In this work we perform gene expression profiling on tissue specimen obtained from patients with oral squamous cell carcinoma with a twofold aim: i) to identify a limited number of genes that capture perturbations at molecular level dictating the development of a potential disease relapse after remission, and ii) to employ these genes in order to build a classifier that is able to calculate the probability of disease reoccurrence for new patients, subsequently discriminating patients into high and low risk groups based on reoccurrence probability. The proposed analysis yielded 94% overall accuracy, 100% sensitivity and 89% specificity, for discriminating patients with and without a disease relapse.

16. T. Poli, D. Ardigo, E. Derlindati, D. Lanfranco, **K.P. Exarchos**, Y. Goletsis and D.I. Fotiadis, "Identification of genetic biomarkers for oral cancer reoccurrence prediction", ASCO-NCI-EORTC Annual Meeting on Molecular Markers in Cancer, Hollywood, Florida, 2010.

Oral cavity cancers are the 7th tumor by diffusion worldwide and more than 90% are

Oral Squamous Cell Carcinomas (OSCC). Late diagnosis and the aggressive nature of the disease cause tumor relapse in 25%-50% of cases. Despite different clinical and biomolecular prognostic factors have been reported, none of them show sufficient accuracy in discriminating relapsing versus non-relapsing patients. We have therefore elaborated an integrated platform for prospective prognostic clusterization of OSCC patients that comprehensively takes into account clinical parameters, radiological images, histopathological traits and gene expression patterns of their primary tumor Lesions. The study was performed on 129 enrolled OSCC patients surgically treated and followed up for at least 18 months. Clinical and imaging data were collected at the time of diagnosis and during follow-up; smoke, alcohol consumption and other risk factors were noted. Surgical specimens of primary lesions were collected and processed for histological diagnoses and classified according to the TNM staging system. Moreover, fresh tumor tissue samples were immediately frozen and used to extract DNA and RNA for molecular studies. Genome-wide expression profile was obtained by DNA microarray and the most representative genes were validated using qPCR by TaqMan Low Density Arrays. Pooled samples of normal epithelia of the oral cavity were used as a reference tissues in all molecular analyses. Through bioinformatic algorithms and dedicated software tools, gene expression profiles from relapsing and non-relapsing patients were compared and integrated with clinical, imaging and histopathological data to extract a multi-parametric platform for relapse prediction. This system identified as remarkable parameters N staging, perineural invasion, smoke, lymphoplasmacytic reaction, p53 stain, tumor thickness, extra tumor and extra nodal spreading, number of lymph nodes, site, texture and PHACTR1, SOD2, C17orf71, RPRM, CRYAA, ZNF205, AMDHD1, SLC5A12, C21orf87 as the most modulated genes. Our analyses prove that multi-parametric evaluation of clinical and biological traits of OCSS patients at time of diagnosis and after surgical intervention on primary tumors may be exploitable for a prediction of higher risk of relapse with a superior accuracy of any currently reported system and open for the implementation of an individualized and more tailored management of OCSS patients.

17. E. Antoniadou, **K.P. Exarchos**, V.E. Tsianos, T.M. Kolettis, "Neurocardiogenic syncope in adolescents", 18th ESFIE conference, Athens, Greece, 2012.

The purpose of this study is to evaluate the relationship between vagal overactivation and heart rate variability (HRV: Heart Rate Variability), as measured by 24-hour Holter. The study involved so far 47 children who have history of at least one episode of neurocardiogenic syncope and a positive tilt-table test.

18. N. Bertani, S. Rossi, T. Poli, E.M. Sillini, G. Chiari, D. Ardigo, **K.P. Exarchos**, E. Sessena, R. Perris, "Risk prediction of tumor relapse in oral cancer by multi-parametric marker integration", 22nd Biennial Congress of the European Association for Cancer Research, Barcelona, Spain, 2012.
19. **K.P. Exarchos**, T.P. Exarchos, C. Bourantas, M. Papafaklis, K. Naka, L. Michalis, O. Parodi, D.I. Fotiadis, "Prediction of Coronary Atherosclerosis Progression using Dynamic Bayesian Networks", 35th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC'13), Osaka, Japan, 2013.

In this paper we propose a methodology for predicting the progression of atherosclerosis in coronary arteries using dynamic Bayesian networks. The methodology takes into account patient data collected at the baseline study and the same data collected in the follow-up study. Our aim is to analyze all the different sources of information (Demographic, Clinical, Biochemical profile, Inflammatory

markers, Treatment characteristics) in order to predict possible manifestations of the disease; subsequently, our purpose is twofold: i) to identify the key factors that dictate the progression of atherosclerosis and ii) based on these factors to build a model which is able to predict the progression of atherosclerosis for a specific patient, providing at the same time information about the underlying mechanism of the disease.

20. K. Kalantzaki, E. Bei, **K.P. Exarchos**, M. Zervakis, D.I. Fotiadis, M. Garofalakis, "Identification of altered MET network in Oral Cancer Progression based on Nonparametric Network Design", 35th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC'13), Osaka, Japan, 2013.

Oral cancer is characterized by multiple genetic events such as alterations of a number of oncogenes and tumour suppressor genes. The aim of this study is to identify genes and their functional interactions that may play a crucial role on a specific disease-state, especially during oral cancer progression. We examine gene interaction networks on blood genomic data, obtained from twenty three oral cancer patients at four different time stages. We generate the gene-gene networks from sparse experimental temporal data using two methods, Partial Correlations and Kernel Density Estimation, in order to capture genetic interactions. The network study reveals an altered MET (hepatocyte growth factor receptor) network during oral cancer progression, which is further analyzed in relation to other studies.

21. **K.P. Exarchos**, K. Kourou, T.P. Exarchos, C. Papaloukas, M. Karamouzis, D.I. Fotiadis, "Sequence patterns mediating functions of disordered proteins", Advances in Experimental Medicine and Biology, 1st World Congress on Geriatrics and Neurodegenerative Diseases Research (GeNeDis 2014), Corfu, Greece, 2014.

Disordered proteins lack specific 3D structure in their native state and have been implicated with numerous cellular functions as well as with the induction of severe diseases, e.g., cardiovascular and neurodegenerative diseases as well as diabetes. Due to their conformational flexibility they are often found to interact with a multitude of protein molecules; this one-to-many interaction which is vital for their versatile functioning involves short consensus protein sequences, which are normally detected using slow and cumbersome experimental procedures. In this work we exploit information from disorder-oriented protein interaction networks focused specifically on humans, in order to assemble, by means of overrepresentation, a set of sequence patterns that mediate the functioning of disordered proteins; hence, we are able to identify how a single protein achieves such functional promiscuity. Next, we study the sequential characteristics of the extracted patterns, which exhibit a striking preference towards a very limited subset of amino acids; specifically, residues leucine, glutamic acid, and serine are particularly frequent among the extracted patterns, and we also observe a nontrivial propensity towards alanine and glycine. Furthermore, based on the extracted patterns we set off to infer potential functional implications in order to verify our findings and potentially further extrapolate our knowledge regarding the functioning of disordered proteins. We observe that the extracted patterns are primarily involved with regulation, binding and posttranslational modifications, which constitute the most prominent functions of disordered proteins.

22. E. Martinelli, T. Poli, **K.P. Exarchos**, S. Steger, "Multilevel and multiscale modeling approach for VPH-based prediction of oral cancer reoccurrences. Results of the FP7 NeoMark project", IEEE-EMBS International Conference on Biomedical and Health Informatics (BHI 2014), Valencia, Spain, 2014.

In this work we present the approach adopted to stratify patients at high vs. low risk for reoccurrence of Oral Squamous Cell Carcinoma (OSCC) and to model the disease progression after remission. For this purpose we developed a multiscale and multilevel model, which integrates thousands of heterogeneous data including genomics, collected by means of innovative technologies such as Point-of-Care (PoC) Real Time PCR and lab-on-chip and advanced image fusion techniques. The realized predictive model produced a bio-signature of high-risk patients and identified a set of biomarkers from tumor tissues and blood cells, indicative of potential disease reoccurrence. The NeoMark predictive model was trained and initially validated in a multicentre pilot study (three European clinical centers involved in Italy and in Spain) on a cohort of 86 patients affected by OSCC with a minimum follow up of 12 months. We discuss how the disease bio-profile identified by NeoMark was considered extremely useful by the clinicians to evaluate the risk of disease reoccurrence of a patient at the time of diagnosis and to provide a “tailored therapy” to each case.

23. D. Tziallas, C. Kastanioti, K. Kirkos, **K.P. Exarchos**, V. Tsimihodimos, M.S. Elisaf, “Evaluating the relationship between hospital cost and quality indices in a NHS hospital in Greece”, International Conference on Business & Economics of the Hellenic Open University (ICBE - HOU), Athens, Greece, 2015.

Due to the economic crisis the Greek Health System is facing challenges on two fronts: reduction of hospital cost and concerns about care quality. However, the relationship between quality improvement and cost reduction is complex and not yet clear. The aim of the study was to assess whether care quality and cost reduction are complementary to or in competition with one another. New hospitalized patients who admitted to an internal medicine clinic of a teaching hospital were included in the study. Quality was assessed by a validated patient satisfaction’s questionnaire including data on fifteen performance indicators, approved by Hospital Quality Commission. Moreover, hospital costs were calculated using data from esy.net for fiscal year 2008 till 2013. The relationship between hospital’s cost of care and its quality was weak. Specifically, according to the results there was a reduction of mean quality score (4,29/5 for year 2008 till 3,30/5 for year 2011, year of health care reforms), and then a slightly increase (4,00/5 for year 2014). On the contrary, total hospital cost follows a reduction from 2008 (514.806€) to 2013 (239.335 €). Our study did not support the “penny wise and pound foolish” hypothesis that low-cost hospital have lower quality indices.

24. K. Kourou, **K.P. Exarchos**, C. Papaloukas, D.I. Fotiadis, “A Bayesian Network-based approach for discovering oral cancer candidate biomarkers” IEEE EMBC 2015, Milan, Italy, 2015.

Oral cancer can arise in the head and neck region. Due to the aggressive nature of the disease, which often leads to poor prognosis, Oral Squamous Cell Carcinoma (OSCC) constitutes the 8(th) most common neoplasms in humans. In the present work we formulate gene interaction network from oral cancer genomic data using Dynamic Bayesian Networks (DBNs). Four modules were extracted after applying a clustering technique to the network. We consequently explore them by applying topological and functional analysis methods in order to identify significant network nodes. Our analysis revealed that these important nodes may correspond to candidate biomarkers of the disease.

25. C. Chronis, S. Manou, **K.P. Exarchos**, V. Sakkas, A. Konstantinidis, T.P. Exarchos,

D.I. Fotiadis, "Lung Cancer Diagnosis Using Breath Biomarkers: A Data Mining Approach", IEEE Biomedical and Health Informatics (BHI'18), Las Vegas, NV, USA, 2018.

Lung cancer, despite recent advances in terms of treatment, remains a major cause of death worldwide, particularly due to late diagnosis. Therefore, considerable focus has shifted to the early detection of the disease. To this end, we hereby analyze compounds from the exhaled breath in order to discriminate between patients with lung cancer and healthy individuals. We utilize a series of classification schemes aiming to identify a subset of biomarkers that are able to differentiate the two classes, as a proof of concept study. The best performing classification scheme yielded an overall accuracy of 88.89%.

26. C. Chronis, **K.P. Exarchos**, K. Kostikas, Χρήση πτητικών οργανικών ενώσεων στον εκπνεόμενο αέρα για διάγνωση του καρκίνου του πνεύμονα, 27ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2018.

27. **K.P. Exarchos**, A. Sioutkou, C. Chronis, S. Peristeri, A. Gogali, A. Konstantinidis, K. Kostikas, Validation of the portable AirNext spirometer: preliminary results, ERS 2019, Madrid, Spain, 2019.

The Air Next Spirometer (Nuvoair, Sweden) is a novel portable device that performs spirometric measurements connected to a smartphone or tablet via Bluetooth technology. Data in a variety of patients and healthy controls are needed in order to support the use of this spirometer in clinical practice.

In this validation study, we are performing spirometry in consecutive patients with different spirometric patterns (obstructive and restrictive disorders) and healthy controls. Spirometry is performed with a conventional desktop spirometer (Masterscreen, Jaeger), as well as with the Air Next spirometer. In order to assess the agreement between the two spirometers, the following parameters have been employed: forced expiratory volume in 1 second (FEV1, absolute value in L), forced vital capacity (FVC, absolute value in L), FEV1/FVC ratio and FEF25-75%. The recruitment process takes place in the Outpatient Clinic of the Respiratory Medicine Department of the University Hospital of Ioannina, Greece. Each participant has been informed regarding the study and has provided written consent; the study has been approved by the Ethical Committee of the University Hospital of Ioannina. The concordance of the aforementioned spirometric values between the two spirometers have been evaluated using Pearson's and Intraclass Correlation Coefficients (ICC) and Bland-Altman plots.

Currently, 50 subjects with asthma, COPD, interstitial lung disease and healthy controls have been recruited. We observed significant concordance in the measurements of FEV1, FVC, FEV1/FVC ratio and FEF25-75% between the Air Next and the desktop spirometer. Our preliminary results suggest that the spirometric measurements performed with Air Next in a group of patients with various spirometric patterns and healthy individuals are concordant with those of a desktop spirometer. Further validation in a larger dataset is ongoing.

28. **Κ. Έξαρχος**, Α. Γόγαλη, Α. Σιούτκου, Χ. Χρόνης, Σ. Περιστέρη, Α. Κωνσταντινίδης, Κ. Κωστίκας, "Επικύρωση του φορητού σπιρομέτρου Air Next (NuvoAir, Sweden)", 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.

Το φορητό σπιρόμετρο Air Next αποτελεί μια εύχρηστη συσκευή, χαμηλού κόστους,

που συνδέεται ασύρματα μέσω Bluetooth με έξυπνες συσκευές. Σκοπός της παρούσας εργασίας είναι η αξιολόγηση της ακρίβειας και αξιοπιστίας των σπιρομετρικών δεδομένων που λαμβάνονται με το σπιρόμετρο Air Next. Στην παρούσα μελέτη, διενεργήσαμε σπιρομετρήσεις με το υπό μελέτη σπιρόμετρο Air Next και με ένα συμβατικό επιτραπέζιο σπιρόμετρο. Στη συνέχεια υπολογίσαμε Pearson correlation και Interclass Correlation Coefficient (ICC) για τις ακόλουθες παραμέτρους: δυναμικά εκπνεόμενος όγκος στο 1ο δευτερόλεπτο (FEV1), δυναμικά εκπνεόμενη ζωτική χωρητικότητα (FVC), λόγος FEV1/FVC, και μεσοεκνευστικές ροές (MEF25%, MEF50%, MEF75%, FEF27-75%). Για να είναι αντιπροσωπευτικό το δείγμα των σπιρομετρήσεων συμπεριλάβαμε στην μελέτη συνολικά 200 άτομα: 50 άτομα με χρόνια αποφρακτική πνευμονοπάθεια (ΧΑΠ), 50 άτομα με βρογχικό άσθμα, 50 άτομα με περιοριστική σπιρομέτρηση καθώς και 50 υγιείς μάρτυρες. Παρατηρούμε ότι υπάρχει μεγάλη και στατιστικά σημαντική ( $p < 0.001$ ) συμφωνία ανάμεσα στις μετρήσεις που λαμβάνονται από τα δύο σπιρόμετρα. Ιδίως για τις παραμέτρους FEV1, FVC, FEV1/FVC και FEF25-75% η συμφωνία βάσει Pearson correlation και ICC είναι μεγαλύτερη από 0.94. Επομένως, το σπιρόμετρο Air Next αποτελεί μια αξιόπιστη συσκευή για τη διάγνωση και παρακολούθηση αναπνευστικών παθήσεων.

29. **Κ. Έξαρχος**, Μ. Μπέλτσιου, Χ. Βώττη, Κ. Κωστίκας, “Εφαρμογές Τεχνητής Νοημοσύνης στο Βρογχικό Άσθμα: συστηματική ανασκόπηση”, 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.

Η Τεχνητή Νοημοσύνη και η Μηχανική Μάθηση αποτελούν κλάδους της Πληροφορικής που αναπτύσσουν αλγορίθμους με σκοπό την εκπαίδευση μιας μηχανής ως προς την εκτέλεση μιας διεργασίας. Η παρούσα εργασία αποτελεί μια ανασκόπηση της βιβλιογραφίας και περιλαμβάνει άρθρα σε διεθνή περιοδικά που χρησιμοποιούν τεχνικές Μηχανικής Μάθησης και Τεχνητής Νοημοσύνης στο άσθμα. Στην παρούσα εργασία χρησιμοποιήσαμε μια σειρά από λέξεις κλειδιά στις βάσεις δεδομένων PubMed και DBLP, χωρίς χρονολογικό περιορισμό. Από τα αποτελέσματα εξαιρέσαμε εργασίες σε συνέδρια, τεχνικές αναφορές και εργασίες άσχετες με το αντικείμενο της ανασκόπησης. Από αυτήν την διαδικασία προέκυψαν 100 εργασίες τις οποίες ομαδοποιήσαμε στις παρακάτω κατηγορίες: Διάγνωση του άσθματος: εργασίες που χρησιμοποιούν αλγορίθμους Μηχανικής Μάθησης για να διαγνώσουν το άσθμα [48 εργασίες]. Κατηγοριοποίηση ασθενών: εργασίες που χωρίζουν τους ασθενείς σε υποκατηγορίες, με βάση τη βαρύτητα, τις λειτουργικές δοκιμασίες της αναπνοής, το γενετικό προφίλ, τη συμπτωματολογία κλπ [31 εργασίες]. Διαχείριση του άσθματος και παρακολούθηση: εδώ περιλαμβάνονται εργασίες που ασχολούνται με τον έλεγχο του άσθματος, επιχειρούν να προβλέψουν κρίσεις άσθματος, και ασχολούνται τη φυσική ιστορία και εξέλιξη της νόσου [40 εργασίες]. Θεραπεία του άσθματος: σε αυτήν την κατηγορία ανήκουν οι εργασίες που χρησιμοποιούν αλγορίθμους Μηχανικής Μάθησης αναφορικά με τη θεραπεία του άσθματος [1 εργασία]. Υπάρχει ένα βιβλιογραφικό κενό σε εργασίες που αφορούν τη θεραπεία του άσθματος. Αξίζει να σημειωθεί ότι σχεδόν οι μισές εργασίες αφορούν παιδιατρικούς πληθυσμούς. Μόνο 15 εργασίες χρησιμοποιούν ως είσοδο γενετικά δεδομένα και ιδίως οι πιο πρόσφατες, ενώ η συντριπτική πλειοψηφία βασίζεται σε κλινικά δεδομένα ή και περιβαλλοντικές παραμέτρους.

30. **Κ. Έξαρχος**, Α. Οικονόμου, Θ. Μπινίσκου, Β. Μπελή, Ε. Αντωνιάδου, Κ. Κωστίκας, “Ανασκόπηση εφαρμογών Τεχνητής Νοημοσύνης στη Χρόνια Αποφρακτική Πνευμονοπάθεια”, 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.

Η Τεχνητή Νοημοσύνη αποτελεί ένα πεδίο της Πληροφορικής και οι αλγόριθμοι που περιλαμβάνει καθιστούν μια μηχανή ικανή να μαθαίνει από δεδομένα. Τα τελευταία χρόνια έχει γίνει ιδιαίτερα δημοφιλής λόγω του αυξημένου όγκου δεδομένων, των



προηγμένων αλγορίθμων και τη βελτίωση στην επεξεργαστική ισχύ. Στον τομέα της Υγείας έχει εφαρμοστεί από ετών, ιδίως στη μελέτη του καρκίνου και των καρδιαγγειακών παθήσεων. Στην παρούσα εργασία πραγματοποιήσαμε μια ανασκόπηση της βιβλιογραφίας ώστε να βρούμε, να ομαδοποιήσουμε και να αναλύσουμε τις εργασίες που πραγματεύονται εφαρμογές Τεχνητής Νοημοσύνης στη Χρόνια Αποφρακτική Πνευμονοπάθεια (ΧΑΠ). Συγκεκριμένα χρησιμοποιήσαμε μια σειρά από λέξεις κλειδιά στις βάσεις PubMed και DBLP, χωρίς να θέσουμε κάποιον χρονολογικό περιορισμό. Αφού εξαιρέσαμε δημοσιεύσεις σε συνέδρια, τεχνικές αναφορές και εργασίες άσχετες με το αντικείμενο της ανασκόπησης παρέμειναν συνολικά 95 εργασίες. Έπειτα από προσεκτική ανάγνωση ομαδοποιήσαμε τις εργασίες στις παρακάτω ευρείες κατηγορίες: Διάγνωση ΧΑΠ: εργασίες που χρησιμοποιούν αλγορίθμους μηχανικής μάθησης με σκοπό να διαγνώσουν τη ΧΑΠ (28 εργασίες). Διαχείριση της ΧΑΠ: εργασίες που πραγματεύονται τη συνολική διαχείριση της ΧΑΠ, συμπεριλαμβανομένης της θεραπευτικής αγωγής (11 εργασίες). Πρόγνωση ΧΑΠ: εδώ περιλαμβάνονται εργασίες που επιχειρούν να προβλέψουν παροξύνσεις της ΧΑΠ και ασχολούνται τη φυσική ιστορία και εξέλιξη της νόσου (30 εργασίες). Ταξινόμηση/κατηγοριοποίηση ασθενών: εδώ περιλαμβάνονται εργασίες που χωρίζουν τους ασθενείς σε υποκατηγορίες, είτε με βάση το φαινότυπο, το γενετικό προφίλ ή τις απεικονιστικές τους εξετάσεις, π.χ. ταξινόμηση εμφυσήματος (37 εργασίες). Να σημειωθεί ότι αρκετές εργασίες ανήκουν σε περισσότερες από μια κατηγορίες. Παρατηρούμε ότι υπάρχει ένα κενό βιβλιογραφικά σε εργασίες που αφορούν τη διαχείριση και θεραπεία της νόσου. Επίσης, παρατηρείται σημαντική αύξηση των δημοσιευμένων εργασιών από το 2013 και μετά. Σημαντικό ποσοστό εργασιών επιχειρούν να προβλέψουν παροξύνσεις της νόσου ή να εντοπίσουν υποπληθυσμούς ασθενών με συχνές παροξύνσεις. Στις πιο πρόσφατες εργασίες παρατηρούμε πιο ευρεία αξιοποίηση των γενετικών δεδομένων. Επίσης, υπάρχει μια μεγάλη ομάδα εργασιών που πραγματοποιούν επεξεργασία εικόνας με σκοπό να εντοπίσουν και ποσοτικοποιήσουν το εμφύσημα σε εικόνες Αξονικής Τομογραφίας.

31. Α. Νικολόπουλος, **Κ. Έξαρχος**, Χ. Μπέλλος, Κ. Στεφάνου, Γ. Στέργιο, Κ. Τάτσης, Χ. Τσελεπή, Α. Κωνσταντινίδης, "Έργο EuSleep: Ανάλυση βιοϊατρικών σημάτων σε ασθενείς με σύνδρομο υπνικής άπνοιας και υπηρεσίες διάγνωσης και αντιμετώπισης", 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.

Το Σύνδρομο Απνοιών Υποπνοιών κατά τον Ύπνο (ΣΑΥΥ) είναι μια χρόνια διαταραχή που οδηγεί σε αυξημένη ημερήσια υπνηλία, σχετίζεται με πρόκληση ατυχημάτων, με την ανάπτυξη καρδιαγγειακών και μεταβολικών διαταραχών καθώς και με κατάθλιψη. Εκτιμάται ότι 2 στους 10 ενήλικες πάσχουν από ΣΑΥΥ, εκ των οποίων 90% παραμένει αδιάγνωστο. Η πολυϋπνογραφία, που εκτελείται σε ειδικά εργαστήρια μελέτης ύπνου, αποτελεί τη μέθοδο αναφοράς για τη διάγνωση του ΣΑΥΥ, έχει όμως υψηλό κόστος και απαιτεί ειδικό εξοπλισμό καθώς και εξειδικευμένο προσωπικό. Το έργο EuSleep στοχεύει στη δημιουργία μιας πλατφόρμας με σκοπό να οδηγήσει σε την ενημέρωση αλλά και αξιολόγηση αδιάγνωστων ατόμων με προσυμπτωματικό έλεγχο στο γενικό πληθυσμό και στην ανάπτυξη αλγόριθμου με χρήση βιοσημάτων για διαγνωστικό σκοπό. Επιπλέον, στοχεύει στην καλύτερη συμμόρφωση των ασθενών με τη θεραπεία μέσω παροχής υπηρεσιών συμβουλευτικής και γενικότερα στη βελτίωση της ποιότητας ζωής των ασθενών μέσω της παροχής υπηρεσιών αντιμετώπισης του ΣΑΥΥ από απόσταση. Στην παρούσα χρονική στιγμή, ο επισκέπτης της ιστοσελίδας του έργου (eusleep.gr) με δωρεάν εγγραφή μπορεί να συμπληρώσει το ερωτηματολόγιο STOP-Bang (στα Ελληνικά) και να μάθει άμεσα αν ανήκει στην ομάδα κινδύνου για υποκείμενο ΣΑΥΥ. Στην ιστοσελίδα προσφέρεται επίσης (στα Ελληνικά) και το ερωτηματολόγιο ημερήσιας υπνηλίας Erworth Sleepiness Scale. Η ευκολία συμπλήρωσης των ερωτηματολογίων και η άμεση αυτόματη βαθμολόγησή τους από την εφαρμογή, προσφέρει διαδραστικότητα. Το έργο EuSleep αποτελεί μια ολιστική προσέγγιση που πλαισιώνει την τρέχουσα κλινική πράξη από τη διάγνωση μέχρι και τη θεραπεία στοχεύοντας στην ευρεία

πληθυσμιακή κάλυψη μέσω προσυμπτωματικού ελέγχου, χρησιμοποιώντας εφαρμογές κινητών συσκευών και ψηφιακό περιεχόμενο, με σκοπό τον εντοπισμό των αδιάγνωστων περιστατικών και την πρώιμη έγκαιρη διάγνωση του ΣΑΥΥ.

32. **Κ. Έξαρχος**, Κ. Μπαρτζιώκας, Χ. Τάγκας, Ε. Τσίνα, Β. Δρούβης, Ο. Τόλη, Κ. Κωστίκας, “Αλγόριθμος Τεχνητής Νοημοσύνης για τη διάγνωση της Πνευμονικής Εμβολής”, 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.

Η πνευμονική εμβολή (ΠΕ) αποτελεί μια δυνητικά θανατηφόρο πάθηση (θνητότητα 7-11%), με επίπτωση στην Ευρώπη 6-20 άτομα ανα 10.000 ετησίως. Στην παρούσα εργασία, αναπτύξαμε έναν αλγόριθμο τεχνητής νοημοσύνης για τη διάγνωση της ΠΕ, που χρησιμοποιεί μια σειρά από κλινικές παραμέτρους, και θα μπορούσε να χρησιμοποιηθεί στο τμήμα επειγόντων περιστατικών. Στα πλαίσια της μελέτης συμπεριλάβαμε 190 άτομα που είχαν υποβληθεί σε Αξονική Αγγειογραφία Πνευμονικών Αρτηριών (CTPA) λόγω αυξημένης κλινικής υποψίας για ΠΕ, στο Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Ιωαννίνων και στο Γενικό Νοσοκομείο Αμαλία-Φλέμινγκ. Από τα άτομα αυτά συλλέξαμε μια σειρά κλινικών, εργαστηριακών και απεικονιστικών δεδομένων κατά την ημέρα διενέργειας της CTPA. Χρησιμοποιώντας μόνο τα κλινικά δεδομένα εκπαιδεύσαμε έναν αλγόριθμο τεχνητής νοημοσύνης να διακρίνει τα άτομα με θετική και αρνητική CTPA. Η ακρίβεια, η ευαισθησία και η ειδικότητα του προτεινόμενου αλγορίθμου καθώς και των πιο διαδεδομένων διαγνωστικών σκορ που υπάρχουν στη βιβλιογραφία (Wells score, Wells score simplified, Revised Geneva και Revised Geneva simplified) φαίνονται στον παρακάτω πίνακα. Ο προτεινόμενος αλγόριθμος επιτυγχάνει σημαντικά υψηλότερη απόδοση από τα υπάρχοντα κλινικά σκορ, ιδιαίτερα στην ευαισθησία και την ακρίβεια. Παρά τα ενθαρρυντικά αποτελέσματα ο αλγόριθμος πρέπει να εκπαιδευτεί σε μεγαλύτερο πληθυσμό ώστε να αποτιμηθεί η γενικευτική του ικανότητα. Επίσης, μελλοντικά θα εκτιμηθεί η συνεισφορά εργαστηριακών και απεικονιστικών παραμέτρων με σκοπό τη βελτίωση της απόδοσης του αλγορίθμου.

33. Α. Χαρίσης, **Κ. Έξαρχος**, Χ. Κατσάνος, Α. Γόγαλη, Κ. Γκαρτζονίκα, Α. Τατσιώνη, Θ. Βαδιβούλης, Χ. Χρόνης, Χ. Κυριακόπουλος, Σ. Περιστέρη, Κ. Τάτσης, Β. Μπέλλου, Α. Κήττας, Κ. Βαγγελή, Δ. Ποτονός, Κ. Κωστίκας, Α. Κωνσταντινίδης, “Μεταβολές αιματολογικών και βιοχημικών παραμέτρων σε ασθενείς με ενεργό πνευμονική φυματίωση και ασθενείς με πνευμονία της κοινότητας”, 28ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2019.

Η φυματίωση αποτελεί μείζον ζήτημα δημόσιας υγείας τόσο σε παγκόσμια κλίμακα, όσο και στη χώρα μας. Προηγούμενες μελέτες έχουν αναδείξει σημαντικές διαφορές σε παραμέτρους της γενικής αίματος και των βιοχημικών εξετάσεων μεταξύ ασθενών με ενεργό φυματίωση και υγιών. Η αρχική υπόθεση της παρούσας μελέτης ήταν πως υπάρχουν σημαντικές διαφορές σε αιματολογικές και βιοχημικές παραμέτρους μεταξύ ασθενών με ενεργό πνευμονική φυματίωση και ασθενών με πνευμονία της κοινότητας. Για το σκοπό αυτό πραγματοποιήσαμε αναδρομική μελέτη συλλέγοντας εργαστηριακά δεδομένα (γενική αίματος, έλεγχος ηπατικής λειτουργίας, βιοχημικός έλεγχος, TKE και CRP) 78 ασθενών με ενεργό πνευμονική φυματίωση, επιβεβαιωμένη με θετική καλλιέργεια μυκοβακτηριδίου της φυματίωσης, (μέση ηλικία: 64,4 έτη) και 76 ασθενών με πνευμονία της κοινότητας (μέση ηλικία: 64,8 έτη). Όλοι οι ασθενείς νοσηλεύθηκαν στην Πνευμονολογική Κλινική του Πανεπιστημιακού Νοσοκομείου Ιωαννίνων. Η στατιστική ανάλυση ανέδειξε στατιστικά σημαντικές διαφορές μεταξύ των δύο ομάδων για τις εξής παραμέτρους: λευκά αιμοσφαίρια, ουδετερόφιλα, ηωσινόφιλα, αιμοπετάλια, πηλίκου ουδετερόφιλων/λεμφοκυττάρων και αιμοπεταλίων/λεμφοκυττάρων, MCV, MCH, RDW-CV, PDW, INR, PT, CK, κρεατινίνη, ουρία, ALT και LDH. Ο δεύτερος στόχος

της μελέτης ήταν η ανάπτυξη αλγόριθμου με τη χρήση των παραπάνω εργαστηριακών παραμέτρων για τη διαφοροδιάγνωση μεταξύ ενεργού πνευμονικής φυματίωσης και πνευμονίας της κοινότητας. Για το σκοπό αυτό υλοποιήσαμε ένα σύστημα υποστήριξης απόφασης που χρησιμοποιεί αλγόριθμους μηχανικής μάθησης για να διαχωρίσει τους ασθενείς των δύο κατηγοριών. Το βέλτιστο αποτέλεσμα προέκυψε από τη χρήση του αλγόριθμου Random Forests μετά από αξιολόγηση, με τη μέθοδο 10-fold cross validation και ανέδειξε: ακρίβεια=80.7%, ευαισθησία=84.2%, ειδικότητα=77% και Area Under ROC Curve (AUC)=0.838.

34. C. Votti, M. Beltsiou, **K.P. Exarchos**, K. Kostikas, "Review of Artificial Intelligence applications in asthma", 26th ESFIE, Patras, Greece, 2020.
35. **K.P. Exarchos**, A. Oikonomou, T. Biniskou, V. Beli, E. Antoniadou, A. Aggelopoulou, K. Kostikas, "Artificial Intelligence techniques and Chronic Obstructive Pulmonary Disease: a systematic review", 26th ESFIE, Patras, Greece, 2020.
36. **K.P. Exarchos**, A. Aggelopoulou, K. Bartziokas, E. Tsina, C. Tagkas, V. Drouvis, O. Toli, K. Kostikas, "Diagnosis of Pulmonary Embolism using Artificial Intelligence: preliminary results", 26th ESFIE, Patras, Greece, 2020.
37. **K.P. Exarchos**, A. Aggelopoulou, K. Bartziokas, E. Tsina, C. Tagkas, V. Drouvis, O. Toli, K.T. Kostikas, Machine learning algorithm for the diagnosis of pulmonary embolism: a proof of concept study, ERS 2020.

Introduction: Pulmonary embolism (PE) is a common life-threatening condition. Underdiagnosis and delays in the diagnosis are common, mainly due to unspecific clinical presentations. Aim: We used clinical parameters to train a Machine Learning algorithm for the diagnosis of PE in Emergency Department settings. Methods: We analyzed data from 190 patients that underwent Computed Tomography Pulmonary Angiogram (CTPA) due to clinical suspicion of PE in two tertiary hospitals. Gold standard was the diagnosis of pulmonary embolism in the CTPA scan. Using this data, we trained an algorithm in order to discern between patients with and without PE. Results: The best performance was achieved by the AdaBoost classification algorithm coupled with the Wrapper feature selection technique. In Table 1 we report accuracy, sensitivity and specificity of the proposed algorithm compared to some of the validated prediction rules for the assessment of pretest probability of PE (i.e. Wells score, Wells simplified, revised Geneva, revised Geneva simplified), on the same patient set. Conclusion: The proposed algorithm outperforms current scoring systems, especially in terms of accuracy and sensitivity; however, further training and validation with richer datasets is needed in order to assess its generalization capability. The incorporation of laboratory parameters as input to the algorithm is expected to enhance the predictive accuracy.

38. A. Gogali, **K.P. Exarchos**, K. Bartziokas, A. Sioutkou, K. Kostikas, "Quality of unsupervised home spirometry performed by the portable Air Next spirometer in patients with asthma", ERS 2020.

Introduction: The Air Next spirometer (NuvoAir, Sweden) is a novel ultra-portable spirometer that performs measurements connected to a smartphone or tablet via Bluetooth, allowing home monitoring. There is little information on the quality of unsupervised spirometry tests performed by patients at home. Aim: The objective of this study was to assess the quality of home spirometries performed with Air Next. Methods: We conducted a descriptive, longitudinal prospective study at the outpatient asthma clinic of the Respiratory Medicine Department of the University Hospital of Ioannina. Nine patients with asthma were enrolled, who were provided with the Air

Next spirometer, received a brief training session by a specialized nurse, and were advised to be self-measured at home on a regular basis. Spirometric values were validated using the American Thoracic Society 2019 grading system (A: 3 acceptable tests with repeatability within 0.150 L of highest value; B: 2 acceptable tests with repeatability within 0.150 L; C: 2 acceptable tests with repeatability within 0.200 L; D: 2 acceptable tests with repeatability within 0.250 L; E: One acceptable test; F: No acceptable tests). We report the preliminary results of an ongoing longitudinal study. Results: Overall 541 sessions were performed. Measurements were characterized of high quality as 453 sessions (84%) were categorised as either A, B or C. Specifically, 176 sessions were categorized as A, 239 as B and 38 as C. Conclusions: Our results support the unsupervised home use of Air Next as a reliable ultra-portable spirometer that provides high quality measurements and can be used for the home monitoring of patients with asthma.

39. Χ. Μπάλλας, Λ. Λάκκας, Ο. Καρδακάρη, **Κ. Έξαρχος**, Ν. Βρύζας, Π. Καλογεράς, Ι. Σαμαρά, Α. Νάκα, Κ. Κωστίκας, Λ. Μιχάλης, Χ. Κατσούρας, “Κλινικές παράμετροι και βιοχημικοί δείκτες σε ασθενείς με οξεία πνευμονική εμβολή. Πρόδρομα αποτελέσματα”, 41ο Πανελλήνιο Καρδιολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2020.

Σκοπός: Οι περισσότερες μελέτες εκτίμησης ασθενών με οξεία πνευμονική εμβολή (ΠΕ) είναι είτε προηγούμενων δεκαετιών είτε αναδρομικές καταγραφές είτε αφορούν επιλεγμένο δείγμα ασθενών με ΠΕ. Σκοπός της παρούσας προοπτικής μελέτης είναι να μελετήσει κλινικά και βιοχημικά χαρακτηριστικά διαδοχικών ασθενών με ΠΕ που νοσηλεύονται σε τριτοβάθμιο Νοσοκομείο. Μέθοδος: Στο Πανεπιστημιακό Νοσοκομείο Ιωαννίνων καταγράφονται προοπτικά από τον Σεπτέμβριο του 2019 όλοι οι ασθενείς με οξεία ΠΕ. Καταγράφονται οι δημογραφικοί παράγοντες, ο χρόνος από την έναρξη των συμπτωμάτων μέχρι την προσέλευση στο τμήμα επείγοντων (ΤΕΠ), τα συμπτώματα, το ηλεκτροκαρδιογράφημα (ΗΚΓ), η υψηλής ευαισθησίας καρδιακή τροπονίνη I (hs-cTnI) και το νατριουρητικό πεπτιδίο Β (BNP). Αποτελέσματα: Πενήντα επτά ασθενείς (51% γυναίκες), μέσης ηλικίας 67.4 (±16.3) ετών νοσηλεύτηκαν για ΠΕ. Επτά ασθενείς (12.3%) πέθαναν ενδοноσοκομειακά (4 λόγω ΠΕ με αιμοδυναμική αστάθεια κατά την προσέλευση στα ΤΕΠ και 3 κατά τη διάρκεια νοσηλείας λόγω άλλων υποκείμενων νοσημάτων). Ο μέσος χρόνος από την έναρξη των συμπτωμάτων μέχρι την έλευση στο τμήμα επείγοντων ήταν 49.2 (±30.7) ώρες. Μόνο 10 ασθενείς (17.5%) προσήλθαν στα ΤΕΠ σε χρόνο μικρότερο από τις 12 ώρες από την έναρξη των συμπτωμάτων. Το πιο συχνό σύμπτωμα ήταν η δύσπνοια (35 ασθενείς, 61.4%), ακολουθούμενο από πλευροδυνία (12 ασθενείς, 21%), συγκοπή (7 ασθενείς, 12.3%), και άλγος κάτω άκρου (5 ασθενείς, 8.8%). Τριάντα επτά ασθενείς (64.9%) είχαν παθολογικό ηλεκτροκαρδιογράφημα, με πιο συχνό εύρημα την ταχυκαρδία (24 ασθενείς, για 10 από τους οποίους ήταν το μοναδικό εύρημα). Τριάντα δύο ασθενείς (56.1%) είχαν παθο-λογική τιμή hs-cTnI και 23 (40.4%) αυξημένα επίπεδα BNP. Σαράντα έξι (80.7%) ασθενείς είχαν παθολογικό ΗΚΓ ή hs-cTnI ή BNP. Υπήρχε συσχέτιση του BNP με την ηλικία ( $r=0.501$ ,  $p=0.01$ ), αλλά και του χρόνου από την έναρξη των συμπτωμάτων μέχρι την προσέλευση στα ΤΕΠ με το BNP ( $r=0.273$ ,  $p=0.046$ ). Συμπεράσματα: Η θνητότητα από ΠΕ παραμένει υψηλή και οφείλεται σε ΠΕ που είτε εμφανίζεται με αιμοδυναμική επιβάρυνση είτε επιβαρύνει ασθενείς που νοσηλεύονται για άλλη αιτία. Υπάρχει καθυστέρηση στο χρόνο από την έναρξη των συμπτωμάτων μέχρι την έλευση των ασθενών στα ΤΕΠ. Ένα πέμπτο των ασθενών έχει φυσιολογικό ΗΚΓ, hs-cTnI και BNP στα ΤΕΠ.

40. Λ. Λάκκας, Χ. Μπάλλας, Ο. Καρδακάρη, **Κ. Έξαρχος**, Α. Κωνσταντινίδης, Α. Νάκα, Κ. Κωστίκας, Λ. Μιχάλης, Χ. Κατσούρας, “Δείκτες φυσιολογίας πνευμονικής κυκλοφορίας και δεξιάς κοιλίας σε νορμο-τασικούς ασθενείς με οξεία πνευμονική εμβολή. Πρόδρομα αποτελέσματα”, 41ο Πανελλήνιο

Σκοπός: Οι περισσότερες μελέτες εκτίμησης του υπερηχογραφήματος καρδιάς στην οξεία πνευμονική εμβολή (ΠΕ), χρησιμοποιούν κλασικές υπερηχογραφικές παραμέτρους (διάταση δεξιάς κοιλίας, λόγος εγκάρσιας μεσοκοιλιακής διαμέτρου δεξιάς κοιλίας προς την αντίστοιχη της αριστερής κοιλίας, παρουσία θρόμβου στις δεξιές κοιλότητες, συστολική ή/και διαστολική επιπέδωση του μεσοκοιλιακού διαφράγματος). Σκοπός της παρούσας μελέτης ήταν η καταγραφή υπερηχοκαρδιογραφικών δεικτών εκτίμησης της φυσιολογίας της πνευμονικής κυκλοφορίας και της δεξιάς κοιλίας σε μη επιλεγμένους νορμοτασικούς ασθενείς με οξεία ΠΕ. Μέθοδος: Στο Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Ιωαννίνων καταγράφονται προοπτικά όλοι οι ασθενείς με οξεία πνευμονική εμβολή. Για την παρούσα μελέτη, κριτήρια αποκλεισμού αποτέλεσαν α) παρουσία υπότασης, καταπληξίας ή καρδιακής ανακοπής, β) μη ικανοποιητικό υπερηχοκαρδιο-γραφικό «παράθυρο» και γ) μη συνεργασία των ασθενών ή ασθενείς σε μηχανική υποστήριξη. Καταγράφηκαν η συστολική μετατόπιση του τριγωνωχινικού δακτυλίου (TAPSE, mm), η επιμήκης παραμόρφωση της δεξιάς κοιλίας (RV-GLS, %), η πνευμονική αρτηριακή «ευενδοτότητα» (PAC, ml/mmHg), η μέγιστη ταχύτητα ισοογκωτικής σύσπασης της δεξιάς κοιλίας στο ιστικό doppler (IVCT TDI, cm/sec), ο λόγος πρώιμης εισροής προς απορροή στη δεξιά κοιλία (E/RVOT VTI) και οι πνευμονικές αγγειακές αντιστάσεις (PVR, Wood Units). Αποτελέσματα: Σε 37 ασθενείς έγινε εκτίμηση της παραμέτρου TAPSE. Η μέση τιμή ήταν 21.0 (±3.8) mm. Μόνο δύο (5%) ασθενείς είχαν TAPSE < 16mm. Υπήρχε οριακή συσχέτιση μεταξύ TAPSE και νατριουρητικού πεπτιδίου τύπου B ( $r=-0.354$ ,  $p=0.029$ , αλλά όχι μεταξύ TAPSE και υψηλής ευαισθησίας καρδιακής τροπονίνης I. Η μέση τιμή RV-GLS ήταν -16.17 (±7.28) %. Είκοσι ασθενείς (54%) ασθενείς είχαν παθολογική τιμή RV-GLS (πιο θετικές τιμές από -17%). Η IVCT TDI ήταν 13,1 (±5.5) cm/s. Η PAC σχετιζόταν με τις πνευμονικές αγγειακές αντιστάσεις ( $r=-0.403$ ,  $p=0.046$ ). Ο λόγος E/RVOT VTI ήταν 3.82 (±2.50). Η μέση τιμή PVR ήταν 1.96 (±1.00) Wood Units. Συμπεράσματα: Στην οξεία ΠΕ ο πιο ευαίσθητος από τους νεώτερους δείκτες είναι το RV-GLS. Ο δείκτης TAPSE είναι σπάνια παθολογικός, αλλά συσχετίζεται με τα επίπεδα του νατριουρητικού πεπτιδίου. Ο δείκτης PAC συσχετίζεται με τις πνευμονικές αγγειακές αντιστάσεις. Προοπτικές μελέτες θα δείξουν την πιθανή προγνωστική αξία των δεικτών αυτών στη ΠΕ.

41. Χ. Κυριακόπουλος, Κ. Έξαρχος, Α. Γόγαλη, Β. Απολλωνάτου, Σ. Λουκίδης, Ι. Σιγάλα, Π. Κατσαούνου, Μ. Αγγελίδης, Ε. Φούκα, Κ. Πορπόδης, Θ. Κοντακιώτης, Φ. Σαμσωνάς, Θ. Καραμπιτσάκος, Α. Τζουβελέκης, Ε. Μπικάκη, Κ. Αντωνίου, Ν. Τζανάκης, Η. Δημέας, Ζ. Δανιήλ, Κ. Γουργουλιάνης, Μ. Κουρατζή, Π. Στειρόπουλος, Ε. Μάνος, Η. Παπανικολάου, Κ. Κωστίκας, “Κλινικό πρωτόκολλο καταγραφής των νοσηλείων για αναπνευστικές παθήσεις σε Πνευμονολογικές Κλινικές, κατά την περίοδο έξαρσης COVID-19 (Μαρτίου-Απριλίου 2020)”, 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.

Εισαγωγή: Κατά τη διάρκεια της έξαρσης του ιού SARS-CoV-2 σε ολόκληρο τον κόσμο, αλλά και στην Ελλάδα παρατηρήθηκαν μεταβολές στις εισαγωγές ασθενών με συγκεκριμένες παθήσεις. Σκοπός της μελέτης: Ο σκοπός της παρούσας αναδρομικής μελέτης ήταν να διαπιστωθούν μεταβολές στον αριθμό των εισαγωγών στις Πνευμονολογικές κλινικές 9 νοσοκομείων κατά τη διάρκεια της πανδημίας COVID-19. Ελήφθη υπόψη το σύνολο των παθήσεων των νοσηλευθέντων στις ανωτέρω κλινικές. Μέθοδοι: Συγκεκριμένα στη μελέτη συμπεριλήφθησαν ασθενείς που νοσηλεύθηκαν στην Πνευμονολογική κλινική 8 πανεπιστημιακών: Αττικόν, Ευαγγελισμός, Παπανικολάου, Πάτρας, Ηρακλείου, Λάρισας, Ιωαννίνων, Αλεξανδρούπολης και ενός νομαρχιακού νοσοκομείου: Κέρκυρας, κατά τους μήνες

Μάρτιο και Απρίλιο σε 3 διαδοχικές χρονιές (2018, 2019 και 2020). Από τους ασθενείς καταγράφηκαν τα δημογραφικά στοιχεία και η διάγνωση εξόδου. Αποτελέσματα Μεταξύ Μαρτίου-Απριλίου 2020 εισήχθησαν 1307 ασθενείς. Παρατηρήθηκε σημαντική μείωση του αριθμού των εισαγωγών το 2020 κατά 1180 (47%) εν συγκρίσει με το 2018 και κατά 1127 (46%) με το 2019. Η μεταβολή αυτή διέφερε ανάλογα με την αιτία εισαγωγής. Συγκεκριμένα η μείωση των νοσηλευθέντων με ΧΑΠ ήταν: 60% και 51%, με καρκίνο πνεύμονα: 37% και 36%, με άσθμα: 76% και 79%, με πνευμονική εμβολή: 6% και 23%, με ΣΑΑΥ 87% και 84%, με φυματίωση: 25% και 25%, με διάμεση πνευμονοπάθεια: 72% και 78%, με λοίμωξη: 23% και 20%, για διενέργεια βρογχοσκόπησης ή FNA/FNB: 43% και 46% μεταξύ 2018/2020 και 2019/2020 αντίστοιχα. Συμπεράσματα Από την παρούσα μελέτη αναδεικνύεται η αξιοσημείωτη μείωση εισαγωγών για αναπνευστικές παθήσεις κατά την περίοδο έξαρσης COVID-19 συγκριτικά με τα 2 προηγούμενα έτη, με διακύμανση του ποσοστού ανάλογα με την αιτία νοσηλείας.

42. Κ. Μπαρτζιώκας, Χ. Κυριακόπουλος, **Κ. Έξαρχος**, Κ. Κωστίκας, “Μοντέλο πρόβλεψης διάρκειας νοσηλείας και έκβασης πνευμονικής εμβολής (ΠΕ) με χρήση βιοδεικτών”, 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.

Εισαγωγή Η διαστρωμάτωση κινδύνου στους ασθενείς με ΠΕ είναι καίριας σημασίας για τη διαχείριση αυτών, ενώ μπορεί να βελτιώσει το ποσοστό επιβίωσης. Τα εν χρήσει μοντέλα πρόβλεψης κινδύνου περιλαμβάνουν κλινικοεργαστηριακές και υπερηχογραφικές παραμέτρους. Σκοπός Η ανεύρεση ενός μοντέλου βιοδεικτών ως προγνωστικού δείκτη για τη διάρκεια της νοσηλείας, λόγω ΠΕ και της έκβασης αυτής με ακρίβεια παρόμοια ή μεγαλύτερη από τα υπάρχοντα μοντέλα πρόβλεψης κινδύνου. Υλικό και Μέθοδος Μελετήθηκαν ασθενείς με ΠΕ και μετρήθηκαν οι συνήθεις κλινικοεργαστηριακές παράμετροι κατά τον αρχικό διαγνωστικό έλεγχο. Για την έκβαση της ΠΕ προσδιορίστηκαν η διάρκεια της νοσηλείας, η θνητότητα, η διενέργεια θρομβόλυσης και η σύνθετη έκβαση (θνητότητα ή θρομβόλυση). Οι βιοδείκτες που συσχετίστηκαν με την έκβαση συγκρίθηκαν με τα υπάρχοντα μοντέλα πρόβλεψης κινδύνου. Αποτελέσματα Συμπεριλήφθησαν 116 ασθενείς (38,8% άρρενες) με διάμεση ηλικία 53,5 έτη (IQR 48-58). Η σύνθετη έκβαση παρατηρήθηκε σε 20 (17,2%) ασθενείς. Μέσω πολυπαραγοντικής και Roc Curve ανάλυσης, επιλέχθηκε ο συνδυασμός γλυκόζης και d-dimers που εμφάνιζε σημαντική συσχέτιση με την νοσηλεία, τη θνητότητα και την σύνθετη έκβαση. Το μοντέλο πρόβλεψης παρουσίασε τη βέλτιστη προγνωστική ακρίβεια για την σύνθετη έκβαση AUC=0.809 (95%CI: 0.679-0.940, P<0.001), που ήταν σημαντικά ανώτερη από το δείκτη PESI, τον απλοποιημένο δείκτη PESI και το διαγνωστικό αλγόριθμο της European Society of Cardiology (ESC) του 2019 για τη διαστρωμάτωση κινδύνου. Επίσης αποτελεί σημαντικό παράγοντα κινδύνου για τη διάρκεια της νοσηλείας HR=6.055 (95%CI: 4.412-7.698, P<0.001). Συμπεράσματα Το μοντέλο που περιλάμβανε τα d-dimers και τη γλυκόζη είχε καλύτερη προγνωστική ακρίβεια από το δείκτη PESI και το διαγνωστικό αλγόριθμο της ESC του 2019, ενώ ο απλοποιημένος δείκτης PESI ήταν μη προγνωστικός.

43. Κ. Μπαρτζιώκας, Χ. Κυριακόπουλος, **Κ. Έξαρχος**, Κ. Κωστίκας, “Αξιολόγηση του λόγου ουρικού οξέος/κρεατινίνη ως προγνωστικού δείκτη κατά τη διάρκεια της πνευμονικής εμβολής (ΠΕ), συσχέτιση με άλλες κλινικοεργαστηριακές παραμέτρους”, 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.

Εισαγωγή Η ιστική υποξία προκαλεί τον καταβολισμό πουρινών. Το UA αποτελεί το τελικό προϊόν της μεταβολικής αυτής οδού και έχει υποστηριχθεί ότι μπορεί να

αντικατοπτρίζει τη σοβαρότητα της ιστικής υποξίας. Σκοπός Η αξιολόγηση του λόγου UA/Cr ως προγνωστικού δείκτη για την έκβαση ασθενών που εισήχθησαν στο νοσοκομείο λόγω επεισοδίου ΠΕ, καθώς και η συσχέτισή τους με άλλες κλινικοεργαστηριακές παραμέτρους. Υλικό και Μέθοδος Μελετήθηκαν 116 ασθενείς κατά την εισαγωγή τους και μετρήθηκαν ο λόγος UA/Cr καθώς και οι συνήθεις κλινικοεργαστηριακές παράμετροι κατά το διαγνωστικό έλεγχο ενός ασθενούς με πιθανότητα ΠΕ. Ως έκβαση της ΠΕ προσδιορίστηκαν η διάρκεια της παραμονής στο νοσοκομείο, η θνητότητα, το ενδεχόμενο θρομβόλυσης και η σύνθετη έκβαση (θνητότητα ή θρομβόλυση). Όλοι οι ασθενείς σταδιοποιήθηκαν ως προς τη βαρύτητα της ΠΕ με βάση το δείκτη PESI και τον απλοποιημένο δείκτη PESI και το διαγνωστικό αλγόριθμο της European Society of Cardiology (ESC) του 2014 για τη διαστρωμάτωση κινδύνου. Η διάγνωση τέθηκε με πνευμονική αγγειογραφία. Αποτελέσματα Παρατηρήθηκε ότι οι ασθενείς με υψηλότερες τιμές του λόγου UA/Cr ( $\geq 7.59$ ) παρουσίασαν παρατεταμένη νοσηλεία [6 (4-7) έναντι 6,5 (5-11) ημέρες,  $p=0.006$ ], αυξημένη θνητότητα (3,4% έναντι 25,8%,  $p=0.001$ ) και χειρότερη σύνθετη έκβαση (3,4% έναντι 31%,  $p<0.001$ ). Διαπιστώθηκε σημαντικά στατιστική συσχέτιση των τιμών του λόγου UA/Cr με το δείκτη PESI ( $p<0.001$ ), τον απλοποιημένο δείκτη PESI ( $p=0.003$ ), το διαγνωστικό αλγόριθμο της ESC του 2014 ( $p<0.001$ ). Συμπεράσματα Οι τιμές του λόγου UA/Cr κατά τη διάρκεια ενός επεισοδίου ΠΕ αποτελούν προγνωστικό δείκτη της έκβασης, ενώ συσχετίζονται με τους συνήθεις εκτιμώμενους δείκτες βαρύτητας της νόσου, με σημαντικές κλινικές και εργαστηριακές παραμέτρους.

44. Δ. Ποτονός, Κ. Έξαρχος, Κ. Μπαρτζιώκας, Χ. Κυριακόπουλος, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστήκας, "Εκπνεόμενο μονοξείδιο του αζώτου (FeNO) και εφαρμογές του εκτός άσθματος: συστηματική ανασκόπηση", 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.

Το εκπνεόμενο μονοξείδιο του αζώτου (FeNO) αποτελεί έναν μη επεμβατικό δείκτη φλεγμονώδους αντιδραστικότητας των αεραγωγών με πληθώρα εφαρμογών στη διάγνωση, τον έλεγχο, την παρακολούθηση και τη θεραπεία του άσθματος. Ωστόσο, ειδικά τα τελευταία έτη έχουν παρουσιαστεί στη βιβλιογραφία αρκετές εφαρμογές του FeNO εκτός άσθματος. Η παρούσα εργασία αποτελεί μια συστηματική ανασκόπηση της βιβλιογραφίας με σκοπό να αναδείξουμε τις εφαρμογές του FeNO εκτός άσθματος, και να τις ομαδοποιήσουμε. Στην παρούσα εργασία χρησιμοποιήσαμε μια σειρά από λέξεις-κλειδιά στη βάση δεδομένων PubMed, τα τελευταία 10 έτη. Από τα αποτελέσματα εξαιρέσαμε εργασίες σε συνέδρια, τεχνικές αναφορές, ανασκοπήσεις καθώς και εργασίες άσχετες με το υπό μελέτη αντικείμενο ή εργασίες που αφορούσαν έρευνα σχετικά με το άσθμα. Από την παραπάνω διαδικασία προέκυψαν 300 εργασίες, τις οποίες ομαδοποιήσαμε στις παρακάτω κατηγορίες: Γήρανση: διακύμανση του FeNO σε διάφορες ηλικιακές ομάδες. Αλλεργίες: συσχέτιση με υποκείμενες αλλεργίες. Αυτοάνοσα νοσήματα: συσχέτιση με αυτοάνοσα νοσήματα. ΧΑΠ: διακύμανση του FeNO σε υποκατηγορίες ασθενών με ΧΑΠ και συσχέτιση αυτού με τη φυσική ιστορία της νόσου. Άσκηση/Εκθεση: μεταβολές του FeNO έπειτα από έκθεση σε αερογενείς βλαπτικές ουσίες. Τιμές αναφοράς: αναζήτηση φυσιολογικών ορίων του FeNO σε διάφορες κατηγορίες ασθενών ή και υγιών μαρτύρων. Διαταραχές ύπνου: διακύμανση του FeNO σε άτομα με αποφρακτική άπνοια του ύπνου. Κάπνισμα: επίδραση του καπνίσματος στα επίπεδα του FeNO. Άλλο: η κατηγορία αυτή περιλαμβάνει εργασίες που μελετούν τις μεταβολές του FeNO σε παθήσεις όπως: λοιμώξεις, φυματίωση, καρκίνος πνεύμονα, διάμεσες πνευμονοπάθειες, κ.ά. Παρατηρούμε ότι το FeNO έχει μελετηθεί αρκετά εκτός άσθματος και μάλιστα σε ετερογενή νοσήματα και καταστάσεις. Ως επί το πλείστον αναλύεται η συσχέτισή του με τις υποκείμενες παθήσεις και τη βαρύτητά τους, καθώς όμως και για τη διάγνωση, παρακολούθηση αυτών. Όσον αφορά το πλήθος των εργασιών ανά

έτος, παρατηρούμε ότι δεν υπάρχει σημαντική μεταβολή με μέσο όρο 28 εργασίες ανά έτος.

45. Α. Νικολόπουλος, Χ. Τσελεπή, **Κ. Έξαρχος**, Κ. Κωστίκας, Α. Κωνσταντινίδης, “Σύγκριση Παραμέτρων μεταξύ Νυχτερινής Οξυμετρίας στο Σπίτι και Πολυυπνογραφίας”, 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.

**ΕΙΣΑΓΩΓΗ:** Η χρήση οξυμετρίας κατ' οίκον συμβάλλει στη διάγνωση του Συνδρόμου Αποφρακτικής Υπνικής Άπνοιας (ΣΑΥΑ). Στόχος της μελέτης ήταν η σύγκριση των τιμών του δείκτη αποκορεσμών (ODI/h) της νυχτερινής κατ' οίκον οξυμετρίας με τον δείκτη απνοιών/υποπνοιών (AHI) της πολυυπνογραφίας στο εργαστήριο ύπνου, καθώς επίσης και της παραμέτρου T90 (SpO2 <90%) μεταξύ των δύο καταγραφών.**ΜΕΘΟΔΟΣ:** Στη μελέτη συμμετείχαν 45 άτομα (16 γυναίκες και 29 άνδρες), μέσης ηλικίας 56±12, μέσου BMI 34.7±5.8 και Epworth Scale 10.8±4.5 που εξετάστηκαν στο τακτικό Ιατρείο Ύπνου του Πανεπιστημιακού Νοσοκομείου Ιωαννίνων και είχαν συμπτωματολογία συμβατή με ΣΑΥΑ. Υποβλήθηκαν αρχικά σε νυχτερινή κατ' οίκον οξυμετρία και ακολούθως σε πολυυπνογραφία στο Εργαστήριο Ύπνου. Με βάση το ODI κατατάχθηκαν σε 3 κατηγορίες: 5-15/h, 15-30/h και 30+/h. Όλοι οι συμμετέχοντες δήλωσαν ότι κοιμήθηκαν κατ' οίκον για διάστημα >90% της διάρκειας καταγραφής της οξυμετρίας.**ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ:** Ο μέσος χρόνος καταγραφής στο σπίτι ήταν 421.4±90 λεπτά ενώ ο συνολικός χρόνος ύπνου της πολυυπνογραφίας (TST) ήταν 236.4±64 λεπτά. Οι μέσες τιμές του ODI στο σπίτι και στο Εργαστήριο ήταν 33.6±19.8 και 43±24.6, αντίστοιχα και οι μέσες τιμές του T90 στο σπίτι και στο Εργαστήριο ήταν 28.2±27.2 και 40.2±30.5, αντίστοιχα. Η μέση τιμή του AHI στο Εργαστήριο ήταν 46.9±26.8. Η μέση διαφορά μεταξύ καταγεγραμμένου ODI στο σπίτι και στο εργαστήριο ήταν 9.4±14.6%. Τόσο η διαφορά μεταξύ του ODI στο σπίτι και AHI στο Εργαστήριο Ύπνου, όσο και η διαφορά T90 μεταξύ των δύο καταγραφών παρουσίασαν στατιστικά σημαντικές διαφορές (p<0.001 και p<0.001, αντίστοιχα). Το 40% των συμμετεχόντων (n=18) βρέθηκαν από χαμηλότερη κατηγορία ODI σε υψηλότερο AHI, το 6.7% (n=3) από υψηλότερο ODI σε χαμηλότερο AHI, ενώ το 53.3% (n=24) παρέμειναν στην ίδια κατηγορία.**ΣΥΖΗΤΗΣΗ:** Η νυχτερινή οξυμετρία παραμένει χρήσιμο εργαλείο για τη διάγνωση του ΣΑΥΑ σε ασθενείς με συμβατή συμπτωματολογία, έχει όμως περιορισμούς κυρίως λόγω της έλλειψης της καταγραφής συνολικού χρόνου του ύπνου (TST), της θέσης σώματος και της κατηγοριοποίησης των επεισοδίων.

46. Α. Αγγελοπούλου, **Κ. Έξαρχος**, Χ. Τάγκας, Ε. Τσίνα, Β. Δρούβης, Ο. Τόλη, Κ. Κωστίκας, “Επιδημιολογικά δεδομένα της πνευμονικής εμβολής στο Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Ιωαννίνων την περίοδο 2014-2019”, 29ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο 2020, Αθήνα, 2020.

Η πνευμονική εμβολή (ΠΕ) αποτελεί μια δυνητικά θανατηφόρο πάθηση (θνητότητα 7-11%), με επίπτωση στην Ευρώπη 6-20 άτομα ανα 10.000 ετησίως. Η εξέταση εκλογής για τη διάγνωση της ΠΕ είναι η Αξονική Αγγειογραφία Πνευμονικών Αρτηριών (CTPA: Computed Tomography Pulmonary Angiogram). Στην παρούσα μελέτη παραθέτουμε τα επιδημιολογικά δεδομένα σχετικά με την ΠΕ στο Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Ιωαννίνων. Συγκεκριμένα συμπεριλάβαμε ασθενείς που κατά το διάστημα 01/01/2014 έως 30/04/2019 λόγω αυξημένης κλινικής υποψίας για ΠΕ, υποβλήθηκαν σε CTPA είτε στο Τμήμα Επειγόντων Περιστατικών είτε εντός 3 ημερών (μέγιστος χρόνος προετοιμασίας σε περίπτωση αλλεργίας) μετά την εισαγωγή στο Νοσοκομείο. Οι επιλέξιμοι ασθενείς που συμπεριλήφθηκαν στην παρούσα μελέτη είναι 572. Από αυτούς 125 (22%) διαγνώστηκαν με ΠΕ και 447 (78%) όχι. Όσον αφορά τους ασθενείς που



διαγνώστηκαν με ΠΕ, οι 75 (60%) αντιστοιχούν σε άντρες, οι 50 (40%) σε γυναίκες και η μέση ηλικία είναι 68.2 ( $\pm 16$ ). Επιπρόσθετα, για το συγκεκριμένο σύνολο ασθενών έχουμε υπολογίσει 4 κλινικά σκόρ: Wells original, Wells simplified, Geneva original, Geneva simplified καθώς και την ευαισθησία, ειδικότητα και ακρίβεια αυτών, όπως φαίνονται στον παρακάτω πίνακα. Παρατηρείται μέτρια διαγνωστική απόδοση των κλινικών σκόρ με μέγιστη ακρίβεια 68%. Είναι επίσης αξιοσημείωτο ότι όλα τα κλινικά σκόρ παρουσιάζουν πολύ χαμηλή ευαισθησία με μέγιστη τιμή 53%. Το ποσοστό των CTPA που ήταν θετικές κάθε έτος, ανέρχεται κατά μέσο όρο σε 22% και παρουσιάζει σχετική ομοιομορφία διαχρονικά. Όσον αφορά το προφίλ των ασθενών με θετική CTPA αυτοί είναι συχνότερα άνδρες μέσης και μεγάλης ηλικίας.

47. **K.P. Exarchos**, C. Chronis, V. Sakkas, K. Kostikas, “Use of Volatile Organic Compounds for the identification of high risk patients with Chronic Obstructive Pulmonary Disease”, GeNeDis 2020, Corfu, Greece, 2020.

Chronic Obstructive Pulmonary Disease (COPD) is currently the fourth leading cause of death in the world, posing a major health challenge that is currently considered as preventable and treatable. During the course of the disease, periods of acute worsening of respiratory symptoms called exacerbations, account for the greatest proportion of COPD burden, both in terms of quality of life and healthcare costs. To this end, several biomarkers have been proposed in the literature aiming to identify those patient subgroups that have a higher risk for exacerbations, yet their utilization in clinical practice remains minimal. In this work, we employ Volatile Organic Compounds (VOCs) analysis, whereby VOCs are identified in COPD patients' breath and quantified via gas chromatography coupled with mass spectrometry. VOCs capture underlying metabolic processes, and constitute a non-invasive biomarker that has been used in several health applications with promising results. In the present study we have enrolled 27 patients diagnosed with COPD, and each patient has been assigned either as high or low risk, based on a combined index of their exacerbation history and blood eosinophil counts. The median age of enrolled patients is 70 with a standard deviation of 6.8 years. The VOCs' compositions comprise the feature vector that is subsequently fed to a series of classification algorithms, namely Bayes Network, Naive Bayes, Decision Trees, Artificial Neural Networks, Support Vector Machines, Random Forests and AdaBoostM1 in order to discern the two classes of patients. Prior to the classification task we also employ certain feature selection techniques aiming to pinpoint the most informative VOCs.

48. E. Stergiou, **K.P. Exarchos**, “Myths about COVID-19 in the social media”, 11th International Virtual Seminar on COVID-19 Part II, 2020.

Nowadays, the whole world is facing the consequences of a unique pandemic such as covid-19. This pandemic has put immense pressure on each country's healthcare system causing serious economical and social problems. The role of social media is as important as ever, contributing in their own way to informing people about this new disease. On the other hand, it is unfortunate that they can cause serious problems when they become a means to spread myths, misinformation and fake news, an obstacle that public health and government officials have to overcome in order to be effective on their efforts against this pandemic.

Even though social media is a very effective tool of spreading information globally towards huge numbers of users, they also bear certain disadvantages. This report is a review about the myths regarding the coronavirus causes and treatment which have

aroused from the beginning of covid-19 outbreak. Myths having to do either with the virus origin or its treatments, as well as with conspiracy theories that the virus was artificially created in laboratories. These are some of the myths that found a way to be communicated through social media platforms, sometimes leading to dangerous acts for public safety, either by not taking precautions, such as quarantine or social distancing seriously or by using drugs and other substances to treat this new disease for which treatment is yet to be found.

For this report we systematically searched articles in the PubMed repository, the World Health Organization and other health related literature; our purpose is to summarize available literature aiming to inform people about using social media responsibly as an effective tool in the fight against the pandemic with reliable information provided to the public.

49. Χ. Παπαμάρκου, **Κ. Έξαρχος**, “Επαυξημένη νεφρική κάθαρση: μια σημαντική παράμετρος στη δοσολογία των αντιβιοτικών”, 47ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.

**ΣΚΟΠΟΣ:** Κατά την επαυξημένη νεφρική κάθαρση (ARC: Augmented Renal Clearance), οι νεφροί παρουσιάζουν δραστηριότητα κάθαρσης πάνω από την αναμενόμενη (κάθαρση κρεατινίνης  $>130 \text{ mL/min/1.73 m}^2$ ) και συνεπώς απαιτείται τροποποίηση της δόσης ορισμένων φαρμάκων. Σκοπός της παρούσας μελέτης, ήταν να διερευνηθεί ο τρόπος υπολογισμού της αντιβιοτικής δοσολογίας όταν επισυμβαίνει ARC. **ΥΛΙΚΟ:** Το υλικό αποτέλεσαν, άρθρα, ανασκοπήσεις και συστηματικές μελέτες στην αγγλική γλώσσα, που ανασύρθηκαν από την PubMed. Οι λέξεις κλειδιά που χρησιμοποιήθηκαν σε συνδυασμούς ήταν: επαυξημένη, φαρμακοκινητική, φαρμακοδυναμική, αντιβιοτικά, νεφρική κάθαρση, διεθνής φαρμακολογία, πρωτόκολλα δοσολογίας, χωρίς να τεθεί χρονολογικός περιορισμός. **ΜΕΘΟΔΟΣ:** Στο κλινικό περιβάλλον, η ARC παρατηρείται συνηθέστερα στους ασθενείς που βρίσκονται σε κρίσιμη κατάσταση και συγκεκριμένα σε ποσοστό 20-65% αυτών. Έχει διαπιστωθεί έλλειψη άμεσης ανταπόκρισης του οργανισμού στη θεραπεία από τα αντιβιοτικά που χορηγούνται σε υποθεραπευτική δοσολογία. **ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ:** Οι αιτίες εμφάνισης της ARC εξακολουθούν να παραμένουν ασαφείς. Συχνότερα παρατηρείται σε άνδρες, ηλικίας  $<50$  ετών, με πρόσφατο τραυματισμό, χωρίς σοβαρή πολυοργανική ανεπάρκεια. Οι μελέτες συλλογής ούρων 8 ωρών είναι συνήθως επαρκείς για την αξιολόγηση της νεφρικής λειτουργίας, ενώ ο υπολογισμός της κάθαρσης της κρεατινίνης θα πρέπει να προορίζεται για επείγουσες καταστάσεις όπου οι αποφάσεις δοσολογίας πρέπει να λαμβάνονται χωρίς καθυστέρηση. Την τελευταία δεκαετία, έχει τεκμηριωθεί η βελτιωμένη λειτουργία των νεφρών κατά τη διάρκεια της θεραπευτικής χορήγησης βήτα-λακτάμης, όμως η τυπική δόση, έχει ως αποτέλεσμα την επίτευξη χαμηλού στόχου. Η βανκομυκίνη αποτελεί ακρογωνιαίο λίθο για τη θεραπεία ασθενών με σηπτικό σοκ, ιδιαίτερα εναντίον του MRSA και επηρεάζεται από την ARC. Οι αμυνογλυκοσίδες υφίστανται επίσης νεφρική αποβολή και απαιτούν αυξημένα δοσολογικά σχήματα. Περαιτέρω μελέτες απαιτούνται για τη διασαφήνιση της αιτιολογίας εμφάνισης ARC, τη σταδιοποίησή της, καθώς και οδηγίες σχετικά με τη δοσολογία χορήγησης αντιβιοτικών με νεφρική κάθαρση.

50. Ε. Στεργίου, Τ. Λάχο, Ε. Βουργίδα, **Κ. Έξαρχος**, “Ηλεκτρονική εφαρμογή υπολογισμού παιδιατρικών δόσεων φαρμάκων”, 47ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.

**ΣΚΟΠΟΣ:** Σκοπός της παρούσας εργασίας είναι η ανάπτυξη μιας ηλεκτρονικής

εφαρμογής για τον αυτόματο υπολογισμό της δόσης χορήγησης φαρμάκων σε παιδιατρικούς ασθενείς. ΥΛΙΚΟ: Η δοσολογία των φαρμάκων σε παιδιατρικούς ασθενείς είναι ένα σύνθετο και σοβαρό ζήτημα και δεν έχει άμεση αντιστοιχία με τη δοσολογία χορήγησης των αντίστοιχων σκευασμάτων στους ενήλικες. Κατά κανόνα σύμφωνα με την επιστημονικά επικρατούσα πρακτική, η δόση ενός φαρμάκου στην Παιδιατρική υπολογίζεται ανά χιλιόγραμμο σωματικού βάρους του παιδιού και σε ελάχιστες περιπτώσεις ο υπολογισμός της δόσης γίνεται βάσει επιφάνειας σώματος. Επιπλέον για τον σωστό υπολογισμό της δοσολογίας είναι απαραίτητη η γνώση της συνιστώμενης δόσης χορήγησης του φαρμάκου καθώς και η περιεκτικότητα σε δραστική ουσία του σκευάσματος που θα χρησιμοποιηθεί. ΜΕΘΟΔΟΣ: Στην προτεινόμενη ηλεκτρονική εφαρμογή, ο χρήστης αρχικά επιλέγει το σκεύασμα που πρόκειται να χορηγηθεί στη συνέχεια εισάγει το σωματικό βάρους του παιδιατρικού ασθενούς και έπειτα επιλέγει από μια σειρά διαθέσιμων επιλογών τη συνιστώμενη δόση σύμφωνα με τη βιβλιογραφία. Ακολούθως η εφαρμογή υπολογίζει την δόση χορήγησης (σε ml), τα χρονικά διαστήματα που πρέπει να μεσολαβούν ανάμεσα στις δόσεις χορήγησης καθώς και τη μέγιστη δόση που πρέπει να χορηγηθεί ανά ημέρα. ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ: Προς το παρόν η εφαρμογή περιλαμβάνει μια σειρά αντιβιοτικών και αναλγητικών σκευασμάτων που έχουν εγκριθεί από τον Εθνικό Οργανισμό Φαρμάκων (Ε.Ο.Φ.) και συνιστούν τις βασικές κατηγορίες φαρμάκων που χορηγούνται σε παιδιατρικούς ασθενείς. Η προτεινόμενη εφαρμογή αποτελεί σημαντικό βοηθητικό εργαλείο για το ιατρικό προσωπικό διαφόρων ειδικοτήτων π.χ. Παιδιατρικής, Γενικής Ιατρικής και αγροτικούς ιατρούς) όσο και για γονείς. Προοδευτικά προστίθενται περισσότερες κατηγορίες φαρμάκων και σκευασμάτων που κυκλοφορούν στην ελληνική αγορά.

51. Χ. Κυριακόπουλος, Κ. Μπαρτζιώκας, **Κ. Έξαρχος**, Κ. Κωστίκας, “Αξιολόγηση του λόγου ουρικού οξέος/κρεατινίνη (UA/CR) ως προγνωστικού δείκτη κατά τη διάρκεια της πνευμονικής εμβολής (ΠΕ), συσχέτιση με άλλες κλινικοεργαστηριακές παραμέτρους”, 47ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.

ΣΚΟΠΟΣ: Η ιστική υποξία προκαλεί τον καταβολισμό πουρινών. Το UA αποτελεί το τελικό προϊόν της μεταβολικής αυτής οδού και έχει υποστηριχθεί ότι μπορεί να αντικατοπτρίζει τη σοβαρότητα της ιστικής υποξίας. Ο σκοπός της παρούσας μελέτης ήταν η αξιολόγηση του λόγου UA/CR ως προγνωστικού δείκτη για την έκβαση ασθενών που εισήχθησαν στο νοσοκομείο λόγω επεισοδίου ΠΕ, καθώς και η συσχέτισή τους με άλλες κλινικοεργαστηριακές παραμέτρους. ΥΛΙΚΟ: Μελετήθηκαν 116 ασθενείς κατά την εισαγωγή τους και μετρήθηκαν ο λόγος UA/CR καθώς και οι συνήθεις κλινικοεργαστηριακές παράμετροι κατά το διαγνωστικό έλεγχο ενός ασθενούς με πιθανότητα ΠΕ. Ως έκβαση της ΠΕ προσδιορίστηκαν η διάρκεια της παραμονής στο νοσοκομείο, η θνητότητα, το ενδεχόμενο θρομβόλυσης και η σύνθετη έκβαση (θνητότητα ή θρομβόλυση). Όλοι οι ασθενείς σταδιοποιήθηκαν ως προς τη βαρύτητα της ΠΕ με βάση το δείκτη PESI και τον απλοποιημένο δείκτη PESI και το διαγνωστικό αλγόριθμο της European Society of Cardiology (ESC) του 2014 για τη διαστρωμάτωση κινδύνου. Η διάγνωση τέθηκε με πνευμονική αγγειογραφία. ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ: Παρατηρήθηκε ότι οι ασθενείς με υψηλότερες τιμές του λόγου UA/CR ( $\geq 7.59$ ) παρουσίασαν παρατεταμένη νοσηλεία [6 (4-7) έναντι 6,5 (5-11) ημέρες,  $p=0.006$ ], αυξημένη θνητότητα (3,4% έναντι 25,8%,  $p=0.001$ ) και χειρότερη σύνθετη έκβαση (3,4% έναντι 31%,  $p < 0.001$ ). Διαπιστώθηκε σημαντικά στατιστική συσχέτιση των τιμών του λόγου UA/CR με το δείκτη PESI ( $p < 0.001$ ), τον απλοποιημένο δείκτη PESI ( $p=0.003$ ), το διαγνωστικό αλγόριθμο της ESC του 2014 ( $p < 0.001$ ). ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ: Οι τιμές του λόγου UA/CR κατά τη διάρκεια ενός επεισοδίου ΠΕ αποτελούν προγνωστικό δείκτη της έκβασης, ενώ συσχετίζονται με τους συνήθεις εκτιμώμενους δείκτες βαρύτητας της νόσου, με σημαντικές κλινικές και εργαστηριακές παραμέτρους.

52. Χ. Κυριακόπουλος, Κ. Μπαρτζιώκας, **Κ. Έξαρχος**, Κ. Κωστίκας, “Μοντέλο πρόβλεψης διάρκειας νοσηλείας και έκβασης πνευμονικής εμβολής με χρήση βιοδεικτών”, 47ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.

ΣΚΟΠΟΣ: Η διαστρωμάτωση κινδύνου στους ασθενείς με ΠΕ είναι καίριας σημασίας για τη διαχείριση αυτών, ενώ μπορεί να βελτιώσει το ποσοστό επιβίωσης. Τα εν χρήσει μοντέλα πρόβλεψης κινδύνου περιλαμβάνουν κλινικοεργαστηριακές και υπερηχογραφικές παραμέτρους. Σκοπός της παρούσας μελέτης ήταν η ανεύρεση ενός μοντέλου βιοδεικτών ως προγνωστικού δείκτη για τη διάρκεια της νοσηλείας, λόγω ΠΕ και της έκβασης αυτής με ακρίβεια παρόμοια ή μεγαλύτερη από τα υπάρχοντα μοντέλα πρόβλεψης κινδύνου. ΥΛΙΚΟ: Μελετήθηκαν ασθενείς με ΠΕ και μετρήθηκαν οι συνήθεις κλινικοεργαστηριακές παράμετροι κατά τον αρχικό διαγνωστικό έλεγχο. Για την έκβαση της ΠΕ προσδιορίστηκαν η διάρκεια της νοσηλείας, η θνητότητα, η διενέργεια θρομβόλυσης και η σύνθετη έκβαση (θνητότητα ή θρομβόλυση). Οι βιοδείκτες που συσχετίστηκαν με την έκβαση συγκρίθηκαν με τα υπάρχοντα μοντέλα πρόβλεψης κινδύνου. ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ: Συμπεριλήφθησαν 116 ασθενείς (38,8% άρρενες) με διάμεση ηλικία 53,5 έτη (IQR 48-58). Η σύνθετη έκβαση παρατηρήθηκε σε 20 (17,2%) ασθενείς. Μέσω πολυπαραγοντικής και RocCurve ανάλυσης, επιλέχθηκε ο συνδυασμός γλυκόζης και d-dimers που εμφάνιζε σημαντική συσχέτιση με την νοσηλεία, τη θνητότητα και την σύνθετη έκβαση. Το μοντέλο πρόβλεψης παρουσίασε τη βέλτιστη προγνωστική ακρίβεια για την σύνθετη έκβαση  $AUC=0.809$  (95%CI: 0.679-0.940,  $P<0.001$ ), που ήταν σημαντικά ανώτερη από το δείκτη PESI, τον απλοποιημένο δείκτη PESI και το διαγνωστικό αλγόριθμο της European Society of Cardiology (ESC) του 2019 για τη διαστρωμάτωση κινδύνου. Επίσης αποτελεί σημαντικό παράγοντα κινδύνου για τη διάρκεια της νοσηλείας  $HR=6.055$  (95%CI: 4.412-7.698,  $P<0.001$ ). ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ: Το μοντέλο που περιλάμβανε τα d-dimers και τη γλυκόζη είχε καλύτερη προγνωστική ακρίβεια από το δείκτη PESI και το διαγνωστικό αλγόριθμο της ESC του 2019, ενώ ο απλοποιημένος δείκτης PESI ήταν μη προγνωστικός

53. Χ. Κυριακόπουλος, **Κ. Έξαρχος**, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστίκας, “Πρωτόκολλο καταγραφής νοσηλειών για αναπνευστικές παθήσεις σε πνευμονολογικές κλινικές κατά την 1η περίοδο έξαρσης COVID-19 (Μαρτίου-Απριλίου 2020)”, 47ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.

ΣΚΟΠΟΣ: Κατά τη διάρκεια της έξαρσης του ιού SARS-CoV-2 σε ολόκληρο τον κόσμο, αλλά και στην Ελλάδα παρατηρήθηκαν μεταβολές στις εισαγωγές ασθενών με συγκεκριμένες παθήσεις. Ο σκοπός της παρούσας αναδρομικής μελέτης ήταν να διαπιστωθούν μεταβολές στον αριθμό των εισαγωγών στις Πνευμονολογικές κλινικές 9 νοσοκομείων κατά τη διάρκεια της πανδημίας COVID-19. Ελήφθη υπόψη το σύνολο των παθήσεων των νοσηλευθέντων στις ανωτέρω κλινικές. ΥΛΙΚΟ: Συγκεκριμένα στη μελέτη συμπεριλήφθησαν ασθενείς που νοσηλεύθηκαν στην Πνευμονολογική κλινική 8 πανεπιστημιακών: Αττικόν, Ευαγγελισμός, Παπανικολάου, Πάτρας, Ηρακλείου, Λάρισα, Ιωαννίνων, Αλεξανδρούπολης και ενός νομαρχιακού νοσοκομείου: Κέρκυρας, κατά τους μήνες Μάρτιο και Απρίλιο σε 3 διαδοχικές χρονιές (2018, 2019 και 2020). Από τους ασθενείς καταγράφηκαν τα δημογραφικά στοιχεία και η διάγνωση εξόδου. ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ: Από τους 1307 ασθενείς που εισήχθησαν μεταξύ Μαρτίου-Απριλίου 2020, 444 (35.5%) ήταν άρρενες. Η μέση ηλικία ( $\pm SD$ ) ήταν  $66.0 \pm 16.5$  έτη. Ο μέσος ημερήσιος αριθμός εισαγωγών για το 2020 ήταν 21.4, στατιστικά σημαντικά χαμηλότερος εν συγκρίσει με το 2018 [συνολικός αριθμός εισαγωγών: 2487, IR:40.8, IRR: 0.525, 95% confidence interval (CI): 0.491-0.562,  $P<0.001$ ], με το 2019 (συνολικός αριθμός εισαγωγών: 2434, IR:39.9, IRR: 0.537, 95% CI: 0.502-0.574,  $P<0.001$ ), καθώς και με τον μέσο όρο των 2 προηγούμενων

ετών (IR:40.3, IRR: 0.531, 95% CI: 0.497-0.568, P<0.001). Η μεταβολή του αριθμού εισαγωγών του 2020 συγκριτικά με το 2018 και το 2019 διέφερε ανάλογα με την αιτία εισαγωγής. ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ: Από την παρούσα μελέτη αναδεικνύεται η αξιοσημείωτη μείωση εισαγωγών για αναπνευστικές παθήσεις κατά την περίοδο έξαρσης COVID-19 συγκριτικά με τα 2 προηγούμενα έτη, με διακύμανση του ποσοστού ανάλογα με την αιτία νοσηλείας.

54. A. Liapikou, ..., EGNATIA study group, “The most prevalent pneumococcal serotypes causing community-acquired pneumonia in adults in Greece using urinary antigen detection test: the EGNATIA study, 2017-2019”, 31st ECCMID, 2021.

55. **K.P. Exarchos**, D. Potonos, A. Aggelopoulou, A. Sioutkou and K. Kostikas, “Deep learning algorithm for the classification of spirometries using flow-volume curves: proof of concept study”, ERS 2021.

Introduction: Spirometry is an invaluable test for the diagnosis and management of respiratory diseases. In practice, interpretation of spirometry involves the qualitative recognition of the flow-volume curve and the quantitative assessment of the spirometry pattern and severity based on the accompanying values. Aim: In this study we evaluated a deep learning based image classification algorithm that analyzes solely the flow-volume loop curve and classifies it into one out of three patterns, namely: obstructive, restrictive and normal. Methods: The algorithm was trained and tested on a set of 108 flow-volume curves, almost equally distributed across the three patterns. Spirometries were obtained with the AirNext portable spirometer (NuvoAir, Sweden) in the outpatient clinic of the University Hospital of Ioannina. The performance was assessed using a train-test split of the initial dataset. Results: The algorithm yielded an overall accuracy of 96%; the class-specific performances for correctly identifying obstructive, restrictive and normal patterns were 94%, 97% and 98%, respectively. Conclusion: The results of this preliminary study suggest that the tested algorithm was able to classify flow-volume curves in the three typical patterns, resembling the initial evaluation of a spirometry as performed by a physician. In the next steps, the algorithm will be complemented with the quantitative report of the spirometer in order to achieve higher accuracy and generalization capability. Due to the complexity of the algorithm, further validation in richer datasets is needed.

56. K. Kostikas, S. Coughlin, A. Sioutkou, **K.P. Exarchos**, K. Bartziokas, K. Tatsis, C. Kyriakopoulos, A. Gogali, “Achievement of High Quality Home Spirometry in Patients with Asthma: The NuvoAir Platform”, American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine 2021.

Rationale: Self-monitoring has a recognized place in achieving asthma control. Traditionally, patients record symptoms and peak expiratory flow in a paper diary, which they both use to adjust therapy in accordance with written asthma plans, and discuss with their physicians during clinic visits. Telemonitoring augments self-monitoring and disease management by 1) making it easier for patients to record their level of asthma control electronically, e.g. on a smartphone, 2) then alerting patients to declining control, and 3) supporting remote physician consultations either in an emergency or as part of standard care. This study evaluated the quality of home-based spirometry in asthma using the NuvoAir platform (NuvoAir AB, Stockholm, Sweden), which consists of a smartphone application, Bluetooth spirometer (AirNext)

and physician portal. The app provides feedback to patients on spirometry quality. Methods: Consecutive adults with difficult-to-treat or severe asthma were trained on the AirNext, and were asked to perform home spirometry daily for the first month and then weekly or on symptom worsening. Geolocation data were used to identify patients' first spirometry session in the hospital ('supervised') and sessions at home ('unsupervised'). All patients provided informed consent. These analyses used data from patients who performed their first unsupervised spirometry within 30 days of their supervised. Results: A total of 10 patients with asthma (four uncontrolled asthma; six partly controlled [GINA 2018]) were included in this study, 9 (90%) female, mean±SD age 42.0±10.7 years, with FEV1 69.6±26.2% predicted (range 27.3-101.0%) at the supervised session. Patients performed 1235 unsupervised sessions over 181.5±153.9 days (maximum 382 days), 877 (71.0%) of which were acceptable quality (2017 ATS Technical Statement Grades A to C: At least two manoeuvres, <200mL FEV1 and FVC variation [Culver et al. Am J Respir Crit Care Med 2017;196:1463-72]), the majority of these (556) being Grade A. Conclusions These data show that patients with asthma are able to perform home unsupervised spirometry of acceptable quality over prolonged periods of time, supporting self-management, potentially optimizing care. Further research is needed to determine whether resulting patient and physician intervention improves patient outcomes.

57. C. Bellos, G. Stergios, K. Stefanou, A. Fyraridis, A. Nikolopoulos, **K.P. Exarchos**, A. Konstantinidis, K. Kostikas, "A web platform to monitor patients with sleep apnea", 6th SEEDA-CECNSM 2021.

Sleep Apnea Syndrome is a chronic disorder that leads to increased daytime sleepiness, is associated with causing accidents, developing cardiovascular and metabolic disorders as well as depression. It is estimated that 2 in 10 people suffer from sleep apnea while a large percentage of them remain undiagnosed. In people diagnosed with sleep apnea, the adherence to treatment is poor. The reference test is the polysomnogram (hereinafter referred to as polygnography) and the treatment of choice is the application of a pressure device. The objectives of the EuSleep project and its developed web platform are: (i) The development of a platform to store data from home recordings and monitor patients. (ii) The evaluation of undiagnosed individuals with screening in the general population. (iii) Better compliance with treatment through counseling services. (iv) The general improvement of the quality of life of the patients through the provision of services for the treatment of sleep apnea. Moreover, EuSleep project aims to materialize a more accurate, non-invasive screening test for sleep apnea, based on a set of targeted questions that is fed to a machine learning algorithm.

58. **K.P. Exarchos**, M. Beltsiou, C. Votti, K. Kostikas, "Εφαρμογές Τεχνητής Νοημοσύνης σε παιδιατρικούς πληθυσμούς, συστηματική ανασκόπηση της βιβλιογραφίας", 11ο Πανελλήνιο Παιδοπνευμονολογικό συνέδριο 2021, Ιωάννινα, Ελλάδα, 2021.

Εισαγωγή: Η Τεχνητή Νοημοσύνη αποτελεί κλάδο της Πληροφορικής που αναπτύσσει αλγόριθμους ανάλυσης μεγάλων σειρών πολύπλοκων δεδομένων. Στην Ιατρική έχει οδηγήσει στην ανάπτυξη μοντέλων που διευκολύνουν την κλινική πράξη ιδίως σε χρόνιες παθήσεις όπως το άσθμα. Σκοπός: Σκοπός της παρούσας εργασίας είναι να αναδείξει τις εφαρμογές της Τεχνητής Νοημοσύνης στη μελέτη του άσθματος σε παιδιατρικούς πληθυσμούς, ώστε να εξαγάγουμε συμπεράσματα και να εντοπίσουμε πιθανά κενά στη βιβλιογραφία. Υλικό - Μέθοδος:

Πραγματοποιήσαμε συστηματική ανασκόπηση της βιβλιογραφίας στις βάσεις PubMed και DBLP από το 1988 έως και το 2018, διατηρώντας εργασίες που αναπτύχθηκαν για παιδιατρικούς πληθυσμούς. Αποτελέσματα: Προέκυψαν 43 εργασίες τις οποίες ομαδοποιήσαμε σε 4 κατηγορίες: Διάγνωση άσθματος: εργασίες που χρησιμοποιούν αλγορίθμους για να διαγνώσουν το άσθμα, Κατηγοριοποίηση ασθενών: εργασίες που χωρίζουν τους ασθενείς σε υποκατηγορίες, βάσει βαρύτητας, γενετικού προφίλ κλπ, Διαχείριση άσθματος & παρακολούθηση: εργασίες που ασχολούνται με τον έλεγχο του άσθματος, προβλέπουν κρίσεις, και ασχολούνται με τη φυσική ιστορία της νόσου Θεραπεία άσθματος: εργασίες που αφορούν τη θεραπεία του άσθματος. Συμπεράσματα: Παρατηρούμε μια σταδιακή αύξηση στη χρήση αλγορίθμων Τεχνητής Νοημοσύνης για την ανάλυση δεδομένων παιδιατρικών ασθενών με άσθμα. Η μεγάλη πλειοψηφία των εργασιών αφορούν τη διαχείριση της νόσου ενώ παράλληλα παρατηρούμε ένα κενό σε εργασίες που αφορούν τη θεραπεία του άσθματος.

59. **Κ. Έξαρχος**, “Εφαρμογές Τεχνητής Νοημοσύνης στη νοσηλευτική επιστήμη”, 14ο Πανελλήνιο Επιστημονικό και Επαγγελματικό Νοσηλευτικό συνέδριο 2021, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα, 2021.

Εισαγωγή: Η Τεχνητή Νοημοσύνη και η Μηχανική Μάθηση αποτελούν ταχέως αναπτυσσόμενους κλάδους της Πληροφορικής που δημιουργούν αλγορίθμους με σκοπό την εκπαίδευση μιας μηχανής ως προς την εκτέλεση μιας διεργασίας. Η παρούσα εργασία αποτελεί μια ανασκόπηση της βιβλιογραφίας και περιλαμβάνει άρθρα που χρησιμοποιούν τεχνικές Μηχανικής Μάθησης και Τεχνητής Νοημοσύνης στη Νοσηλευτική. Σκοπός: Η διερεύνηση της χρήσης και των εφαρμογών της Τεχνητής Νοημοσύνης στη Νοσηλευτική επιστήμη και διεργασία μέσα από ανασκόπηση της σύγχρονης βιβλιογραφίας Μεθοδολογία: Στην παρούσα εργασία πραγματοποιήθηκε ανασκόπηση της βιβλιογραφίας στην ηλεκτρονική βάση δεδομένων PubMed χωρίς χρονολογικό περιορισμό. Επιλέχθηκαν εργασίες γραμμένες στην Αγγλική γλώσσα, δημοσιευμένες είτε σε περιοδικά είτε σε συνέδρια, χρησιμοποιώντας μια σειρά από λέξεις κλειδιά. Αποτελέσματα: Παρατηρείται μικρή σχετικά διείσδυση της Τεχνητής Νοημοσύνης στη Νοσηλευτική με σημαντική ωστόσο αυξητική τάση κατά την τελευταία πενταετία. Τα κύρια πεδία εφαρμογής της Τεχνητής Νοημοσύνης στη Νοσηλευτική είναι τα ακόλουθα: i) διαλογή ασθενών, ii) εκτίμηση βαρύτητας ασθενών μέσω διαρκούς ανάλυσης κλινικών δεδομένων, iii) επεξεργασία φυσικής γλώσσας για την καταγραφή νοσηλευτικού ιστορικού. Σημαντικό ρόλο στην αυξανόμενη χρήση της Τεχνητής Νοημοσύνης έπαιξαν οι παρακάτω λόγοι: η αύξηση του όγκου και της πολυπλοκότητας των δεδομένων που καταγράφονται πλέον ως επί το πλείστον σε ψηφιακή μορφή, η βελτιστοποίηση των αλγορίθμων Μηχανικής Μάθησης καθώς και η απλοποίηση της χρήσης τους από άτομα με λίγες ή καθόλου τεχνικές γνώσεις. Συμπεράσματα: Η Τεχνητή Νοημοσύνη αποτελεί ένα πεδίο που εφαρμόζεται ολοένα και περισσότερο στις Επιστήμες Υγείας και στη Νοσηλευτική, ιδίως την τελευταία πενταετία. Παρόλο που εγείρονται κάποια ηθικά ζητήματα η ορθολογική χρήση θα αποφέρει μόνο βελτίωση της νοσηλευτικής διεργασίας προς όφελος των ασθενών.

60. Λ. Λάκκας, Χ. Μπάλλας, Ό. Καρδακάρη, **Κ. Έξαρχος**, Δ. Ποτονός, Ι. Σαμαρά, Π. Καλογεράς, Β. Μπουρατζής, Α. Κωνσταντινίδης, Σ. Τσιάρα, Κ. Νάκα, Λ. Μιχάλης, Χ. Κατσούρας, “Νεότεροι υπερηχοκαρδιογραφικοί δείκτες εκτίμησης δεξιάς κοιλίας στην οξεία πνευμονική εμβολή”, 42ο Πανελλήνιο Καρδιολογικό Συνέδριο 2021, Αθήνα, Ελλάδα, 2021.

Σκοπός: Σκοπός της μελέτης ήταν να εξετάσει τη συσχέτιση νεότερων υπερηχοκαρδιογραφικών δεικτών δεξιάς κοιλίας με βιοχημικές παραμέτρους σε

ασθενείς με οξεία πνευμονική εμβολή (ΟΠΕ). Μέθοδος: Στην παρούσα προοπτική μελέτη συμπεριλήφθηκαν διαδοχικοί ασθενείς με διάγνωση ΟΠΕ σε τριτοβάθμιο νοσοκομείο. Εκτιμήθηκε η λειτουργία της δεξιάς κοιλίας με τη χρήση κλασικών και νεότερων υπερηχοκαρδιογραφικών δεικτών, ενώ καταγράφηκαν τα D-διμερή (D-Dimers), η τρο-πονίνη υψηλής ευαισθησίας I και το νατριουρητικό πεπτίδιο τύπου B (BNP). Αποτελέσματα: Στην μελέτη συμμετείχαν 100 ασθενείς (48 γυναίκες), μέσης ηλικίας 70.0 ( $\pm 13.9$ ) έτη. Η ενδο-νοσοκομειακή θνητότητα ήταν 7%. Σε περιφερική θρομβόλυση υποβλήθηκε το 8% των ασθενών. Είκοσι τρεις ασθενείς είχαν ιστορικό κακοήθειας (15 με ενεργό νόσο). Οι μισοί ασθενείς (51%) υπέστησαν ΟΠΕ ενδονοσοκομειακά, κατά τη διάρκεια νοσηλείας τους για άλλη αιτία. Η μέση τιμή της ολικής επιμήκους παραμόρφωσης της δεξιάς κοιλίας (GLS RV) ήταν -19.6 ( $\pm 6.4$ ) στους ασθενείς με φυσιολογικό ηλεκτροκαρδιογράφημα (ΗΚΓ) έναντι -17.3 ( $\pm 6.0$ ) σε εκείνους με πα-θολογικό ΗΚΓ ( $p = 0.118$ ). Υπήρχε συσχέτιση του GLS RV με το BNP ( $r = 0.295$ ,  $p = 0.013$ ) και τα D-Dimers ( $r = 0.412$ ,  $p = 0.002$ ). Επίσης, ο δείκτης συστολικής μετατόπισης του τριγλωχινικού δακτυλίου/συστολική πίεση στην πνευμονική αρτηρία (TAPSE/PASP) σχετιζόταν με το BNP ( $r = -0.290$ ,  $p = 0.022$ ) και τα D-Dimers ( $r = -0.407$ ,  $p = 0.007$ ). Δεν υπήρχε συσχέτιση της τροπονίνης με τους αντίστοιχους υπερηχογραφικούς δείκτες. Συμπεράσματα: Σε ασθενείς με ΟΠΕ ο δείκτης TAPSE/PASP της δεξιάς κοιλίας συσχετίζεται αρνητικά με το BNP και τα D-Dimers. Με τους ίδιους βιοχημικούς δείκτες συσχετίζεται θετικά ο δείκτης GLS RV. Περαιτέρω έρευνα απαιτείται ώστε να αποδειχθεί αν οι νεότεροι υπερηχοκαρδιογραφικοί δείκτες λειτουργικότητας της δεξιάς κοιλίας σχετίζονται με ευρέως χρησιμοποιούμενους στην καθημερινή κλινική πράξη βιοχημικούς δείκτες.

61. Γ. Γκρέπη, **Κ. Έξαρχος**, Ε. Σάλλα, Δ. Ποτονός, Β. Μπέλλου, Α. Σίμου, Χ. Κυριακόπουλος, Χ. Χρόνης, Κ. Τάσης, Σ. Περιστερή, Α. Κωνσταντινίδης, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστίκας, “Φυματιώδης υπεζωκοτική συλλογή σε νεαρό ενήλικα ασθενή νοσηλεύόμενο με COVID-19”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.

ΕΙΣΑΓΩΓΗ. Σε ασθενείς με πνευμονία από COVID-19, η επίπτωση εμφάνισης πλευριτικής συλλογής ανέρχεται σε ποσοστό 7.3%, με τη συχνότητά της να αυξάνεται σε βαρέως πάσχοντες και άτομα με πολυοργανική ανεπάρκεια. ΠΑΡΟΥΣΙΑΣΗ ΠΕΡΙΣΤΑΤΙΚΟΥ. Ασθενής 21 ετών από τη Νέα Γουινέα προσήλθε στο Τμήμα Επειγόντων Περιστατικών με εμπύρετο από 4ημέρου, καταβολή και παραγωγικό βήχα από μηνός. Επρόκειτο για ασθενή ανεμβολίαστο για COVID-19, μη καπνιστή με ελεύθερο ατομικό αναμνηστικό. Κατά την εξέταση διαπιστώθηκε σοβαρή αναπνευστική ανεπάρκεια, ενώ η ακτινογραφία θώρακος ανέδειξε διηθήματα κυρίως δεξιά καθώς και υπεζωκοτική συλλογή αριστερά. Ο μοριακός έλεγχος ρινοφαρυγγικού επιχρίσματος απέβη θετικός για SARS-CoV-2 και ο ασθενής εισήχθη στη Μονάδα Λοιμωδών Νοσημάτων. Επιπρόσθετα από την σοβαρή λοίμωξη με COVID-19 τέθηκε στη διαφορική διάγνωση η πνευμονική εμβολή δευτεροπαθώς του COVID-19 και διενεργήθηκε αξονική αγγειογραφία η οποία ανέδειξε διηθήματα δίκην tree-in-bud σε αμφοτέρους τους πνεύμονες, κοιλοτική εξεργασία ΔΕ και συνοδό υπεζωκοτική συλλογή αριστερά. Η διαγνωστική παρακέντηση της συλλογής ανέδειξε λεμφοκυτταρικό εξίδρωμα. Επιπλέον, το άμεσο παρασκεύασμα των πτυέλων ήταν θετικό για το μυκοβακτηρίδιο της φυματίωσης. Έγινε έναρξη τετραπλής αντιφυματικής αγωγής και εκκενωτική παρακέντηση της πλευριτικής συλλογής, με βελτίωση των συμπτωμάτων, της αναπνευστικής λειτουργίας και των απεικονιστικών ευρημάτων. Ο ασθενής δεν εμφάνισε περαιτέρω αναπαραγωγή της υπεζωκοτικής συλλογής και αρνητικοποίησε το άμεσο παρασκεύασμα πτυέλων έπειτα από 18 ημέρες. ΣΥΖΗΤΗΣΗ. Η Επίπτωση της φυματίωσης σε ασθενείς με COVID-19 ποικίλει από 0.37% to 4.47%. Οι ασθενείς με φυματίωση δεν διατρέχουν μεγαλύτερο κίνδυνο νόσησης από COVID-19, αλλά βιβλιογραφικά αναφέρεται ότι είναι πιο πιθανό να αναπτύξουν πιο σοβαρή νόσο (X2 κίνδυνος), χωρίς όμως να υπάρχει συσχέτιση με αυξημένη θνητότητα.



62. Α. Νικολόπουλος, Χ. Τσελεπή, **Κ. Έξαρχος**, Γ. Σιώπης, Α. Κωστούλας, Α. Σιούτκου, Α. Ζήση, Κ. Κωστίκας, Α. Κωνσταντινίδης, “Χρήση καταγραφικών τύπου II κατ’ οίκον και σύγκριση του ΑΗΙ με καταγραφές τύπου III”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.

**ΕΙΣΑΓΩΓΗ:** Η πραγματοποίηση κατ’ οίκον μελετών ύπνου είναι διαρκώς αυξανόμενη και η πανδημία του COVID-19 έχει αυξήσει περαιτέρω τη χρήση των φορητών καταγραφικών. Η πλειοψηφία των καταγραφών είναι τύπου III με αποτέλεσμα να υπάρχουν περιορισμοί στην ακρίβεια των δεδομένων. Σκοπός της μελέτης είναι η διερεύνηση του βαθμού συμφωνίας των δεδομένων της καταγραφής τύπου III με τα αντίστοιχα δεδομένα της κατ’ οίκον πολυυπνογραφικής καταγραφή τύπου II. **ΜΕΘΟΔΟΣ:** Στη μελέτη έχουν μέχρι στιγμής συμμετάσχει 46 ασθενείς (9 γυναίκες και 35 άνδρες) με υψηλή κλινική υποψία ΣΑΥΥ, μέσης ηλικίας  $56.8 \pm 11.7$ , μέσου BMI  $33.7 \pm 7.4$  και Epworth Scale  $9.8.8 \pm 4.2$  που εξετάστηκαν στο τακτικό Ιατρείο Ύπνου του Πανεπιστημιακού Νοσοκομείου Ιωαννίνων. Πραγματοποιήθηκε μελέτη ύπνου στο σπίτι με τη χρήση φορητού καταγραφικού τύπου II (S2C101P2E1R1). Η ανάλυση των αποτελεσμάτων πραγματοποιήθηκε από πιστοποιημένο τεχνολόγο ύπνου σύμφωνα με τις οδηγίες της AASM. Στη συνέχεια επαναλήφθηκε η ανάλυση των καταγραφών με την αφαίρεση των παραμέτρων του ΗΕΓ, του ΗΟΓ, του ΗΜΓ και του ΗΚΓ ώστε να προσομοιωθεί μια τυπική καταγραφή τύπου III (S4C401P2E1R2) στις ίδιες ακριβώς συνθήκες της ίδιας νύχτας. Τέλος, διερευνήθηκε η αλλαγή στην ταξινόμηση της βαρύτητας του ΣΑΥΥ ανάλογα με την μέθοδο. **ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ:** Ο μέσος χρόνος καταγραφής στο σπίτι (TRT) ήταν  $456.3 \pm 82.1$  λεπτά, ο μέσος χρόνος ύπνου (TST) ήταν  $413.4 \pm 84.6$  λεπτά και η μέση αποτελεσματικότητα ύπνου (Sleep Efficiency) ήταν  $83.7 \pm 15.4\%$ . Στο σύνολο των ασθενών οι μέσες τιμές του ΑΗΙ στις τύπου II και III καταγραφές ήταν  $58.6 \pm 31.3$  vs.  $45.6 \pm 30.1$ ,  $p=0.192$ . Στους ασθενείς με ΑΗΙ  $<40$ /ώρα ( $n=17$ ), οι μέσες τιμές του ΑΗΙ στις τύπου II και III καταγραφές διέφεραν σημαντικά  $25.1 \pm 9.1$  vs.  $18.5 \pm 8.8$ ,  $p=0.04$ , ενώ η χρήση καταγραφής τύπου III οδήγησε 35% ( $n=6$ ) των ασθενών αυτών σε προς τα κάτω ταξινόμηση της βαρύτητας του Συνδρόμου. **ΣΥΖΗΤΗΣΗ:** Με τα μέχρι στιγμής αποτελέσματα, συνάγεται ότι ο δείκτης ΑΗΙ δεν διαφέρει στατιστικά μεταξύ των καταγραφών τύπου II και τύπου III σε ασθενείς με ιδιαίτερα αυξημένο δείκτη ΑΗΙ. Αντίθετα, σε ασθενείς με ΑΗΙ  $<40$ , ο δείκτης ΑΗΙ είναι σημαντικά αυξημένος στην καταγραφή τύπου II συγκριτικά με την καταγραφή τύπου III. Η τύπου II μελέτη στο σπίτι έδειξε ικανοποιητική αποτελεσματικότητα ύπνου με παράλληλη δυνατότητα υπολογισμού του TST, των σταδίων REM και NREM, των μικροαφυπνήσεων καθώς και διαταραχών του ΗΚΓ, προσφέροντας μια πλήρη διαγνωστική εικόνα. Επιπρόσθετα, η μελλοντική επεξεργασία των δεδομένων της μελέτης περιλαμβάνει σύγκριση μεταξύ καταγραφής τύπου II και τύπου III για τα εξής δεδομένα: αριθμός επιπλέον υποπνοιών στην τύπου II καταγραφή εξαιτίας του κανόνα των μικροαφυπνήσεων, βαθμός υπερεκτίμησης των απνοιών στην τύπου III καταγραφή εξαιτίας της έλλειψης θερμίστορα και ακρίβεια υπολογισμού TST στην τύπου III καταγραφή με τη χρήση ακτιγραφίας.

63. Δ. Ποτονός, **Κ. Έξαρχος**, Α. Σιούτκου, Κ. Μπαρτζιώκας, Κ. Τάτσης, Χ. Κυριακόπουλος, Α. Γόγαλη, S. Coughlin, Κ. Κωστίκας, “Σπιρομέτρηση κατ’ οίκον για την παρακολούθηση ασθενών με άσθμα μέσω της πλατφόρμας της NunoAir”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.

Η αυτοπαρακολούθηση κατέχει ξεχωριστή θέση στον έλεγχο και την παρακολούθηση του άσθματος. Παραδοσιακά, οι ασθενείς καταγράφουν τα συμπτώματά τους καθώς και τη μέγιστη εκπνευστική ροή (peak expiratory flow) σε

ένα ημερολόγιο, το οποίο χρησιμοποιούν για να προσαρμόσουν την αγωγή τους, σε συνδυασμό με γραπτό σχέδιο δράσης για το άσθμα τους, και συζητούν με τον θεράποντα ιατρό κατά τις επισκέψεις. Η εξ αποστάσεως παρακολούθηση (telemonitoring) ενισχύει την αυτοπαρακολούθηση και τη διαχείριση της νόσου με πολλαπλούς τρόπους: Διευκολύνει τους ασθενείς ως προς την ηλεκτρονική καταγραφή του επιπέδου ελέγχου του άσθματος τακτικά (π.χ μέσω smartphone ή tablet). Ειδοποιεί τους ασθενείς για την επικείμενη επιδείνωση του ελέγχου του άσθματος. Υποστηρίζει την εξ αποστάσεως ιατρική εκτίμηση είτε σε επείγουσα είτε σε τακτική βάση. Ο σκοπός της μελέτης ήταν να αξιολογήσουμε την ποιότητα των σπιρομετρήσεων στο σπίτι σε ασθενείς με άσθμα χρησιμοποιώντας την πλατφόρμα της NuvoAir (NuvoAir AB, Stockholm, Sweden), η οποία αποτελείται από μια εφαρμογή smartphone, ένα φορητό σπιρόμετρο που συνδέεται με το smartphone μέσω Bluetooth (Air Next, NuvoAir) και ένα portal για τον ιατρό. Η εφαρμογή παρέχει feedback σχετικά με την ποιότητα της σπιρομέτρησης στους ασθενείς. Μια σειρά ασθενών με δύσκολα ελεγχόμενο ή σοβαρό άσθμα εκπαιδεύτηκαν με το σπιρόμετρο Airnext και τους ζητήθηκε να εκτελούν σπιρομέτρηση στο σπίτι καθημερινά τον πρώτο μήνα κι έπειτα σε εβδομαδιαία βάση ή επί επιδείνωσης των συμπτωμάτων. Παράλληλα, χρησιμοποιήθηκαν δεδομένα γεωγραφικής θέσης για να ταυτοποιηθούν οι σπιρομετρήσεις που πραγματοποιήθηκαν στο Νοσοκομείο (“υπό επίβλεψη”) και αυτές στο σπίτι (“χωρίς επίβλεψη”). Όλοι οι ασθενείς παρέιχαν έγγραφη συγκατάθεση. Τα δεδομένα που χρησιμοποιήθηκαν αφορούσαν ασθενείς των οποίων η πρώτη σπιρομέτρηση χωρίς επίβλεψη έγινε εντός 30 ημερών από τη σπιρομέτρηση στο Νοσοκομείο. Η αξιολόγηση της ποιότητας των σπιρομετρήσεων έγινε με βάση τις οδηγίες της ATS (Culver et al, Am J Respir Crit Care Med 2017;196:1463-72). Συνολικά 10 ασθενείς με άσθμα (4 με μη ελεγχόμενο και 6 με μερικώς ελεγχόμενο άσθμα κατά GINA 2018) συμπεριλήφθηκαν στη μελέτη, εκ των οποίων 9 (90%) ήταν γυναίκες, με ηλικία 42±10.7 έτη, FEV1 69.6 ±26.2% predicted στη σπιρομέτρηση υπό επίβλεψη. Οι ασθενείς πραγματοποίησαν 1.235 σπιρομετρήσεις χωρίς επίβλεψη σε διάστημα 181 ±153.9 ημερών πό τις οποίες 877 (71%) ήταν αποδεκτές ως προς την ποιότητα της εκτέλεσης (Grades A-C: τουλάχιστον 2 προσπάθειες με διακύμανση του FEV1 και της FVC <200 mL), η πλειονότητα των οποίων ήταν Grade A. Τα αποτελέσματα της σπιρομέτρησης ήταν παρόμοια κατά τη σύγκριση της σπιρομέτρησης με επίβλεψη στο Νοσοκομείο με την πρώτη σπιρομέτρηση στο σπίτι με τιμές FEV1 2.1±0.3 L (69.6±26.2 % pred.) και 2.2±0.2 L (72±24% pred.), αντίστοιχα. Τα δεδομένα μας δείχνουν ότι οι ασθενείς με άσθμα μπορούν να εκτελέσουν αποδεκτής ποιότητας σπιρομετρήσεις κατ’ οίκον σε μεγάλες χρονικές περιόδους, υποστηρίζοντας την αυτοπαρακολούθηση και πιθανά βελτιώνοντας την περίθαλψη. Ωστόσο, χρειάζονται περισσότερες μελέτες για να διευκρινιστεί αν η χρήση των σπιρομετρήσεων κατ’ οίκον χωρίς ιατρική επίβλεψη βελτιώνει το διάλογο μεταξύ ασθενούς και θεράποντα ιατρού και δυνητικά την έκβαση του ασθενούς.

64. **Κ. Έξαρχος**, Γ. Γκρέπη, Ε. Σάλλα, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστίκας, “Άσυνήθης περίπτωση διηθημάτων άμφω, εν μέσω πανδημίας COVID-19”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.

Εισαγωγή: Εν μέσω της πανδημίας COVID-19, οι γιατροί αντιμετώπισαν πολυάριθμους ασθενείς με ένα ευρύ φάσμα συμπτωμάτων σχετικών με COVID. Εκπαιδεύτηκαν να εντοπίζουν μη ειδικά συμπτώματα και να αντιμετωπίζουν σχεδόν κάθε περιστατικό ως ύποπτο για λοίμωξη COVID-19. Παρουσίαση περιστατικού: Ένας άνδρας 50 ετών μεταφέρθηκε στο Τμήμα Επειγόντων Περιστατικών (ΤΕΠ) με υποψία λοίμωξης SARS-CoV-2, παρουσιάζοντας από 4ημερου ξηρό βήχα, μυαλγίες, πυρετό και δύσπνοια. Από το ιστορικό του δεν ανεφερε κάτι αξιοσημείωτο, ήταν μη καπνιστής, ανεμβολιαστος για COVID-19, κτηνοτροφος στο επάγγελμα. Κατά την

εκτίμηση ήταν εμπύρετος, με καρδιακό ρυθμό 120 παλμούς/λεπτό, SpO<sub>2</sub>=80% (FiO<sub>2</sub>=21%) και αμφοτερόπλευρους τριζοντες στην ακρόαση πνευμόνων. Ο ασθενής εκτιμήθηκε με πλήρη εξοπλισμό ατομικής προστασίας και υποβλήθηκε άμεσα σε RT-PCR τεστ για SARS-CoV-2 που ήταν αρνητικό. Από τις εργαστηριακές εξετάσεις προέκυψαν τα εξής: φυσιολογικός αριθμός λευκών αιμοσφαιρίων, θρομβοπενία (56x10<sup>9</sup>/L), αυξημένες τρανσαμινασες (AST=143 IU/L, ALT=150 IU/L), καθώς και CRP=346 mg/L. Η ακτινογραφία θώρακος και η αξονική τομογραφία ανέδειξαν αμφοτερόπλευρα διηθήματα θολής υαλου (Εικ. 1) και ο ασθενής υποβλήθηκε ξανά σε RT-PCR τεστ για SARS-CoV-2, το οποίο απέβη επίσης αρνητικό, οπότε και μεταφέρθηκε στην Πνευμονολογική κλινική σε απομόνωση, όπου υποβλήθηκε σε RT-PCR τεστ άλλες δύο φορές. Ο ορολογικός έλεγχος ανέδειξε θετικά αντισώματα IgM για λεπτόσπειρα. Σε διαθωρακικό υπέρηχο καρδιάς διαπιστώθηκαν διάχυτες υποκινησίες και κλάσμα εξώθησης EF=20%, ευρήματα συμβατά με μυοκαρδίτιδα που επαληθεύτηκαν στη συνέχεια και με μαγνητική τομογραφία. Ο ασθενής έλαβε Ceftriaxone και Moxifloxacin καθώς και διουρητικά, με κλινική, αναπνευστική και ακτινολογική βελτίωση. Συζήτηση: Ο υψηλός επιπολασμός του COVID-19 τα τελευταία δύο χρόνια έχει επηρεάσει αναπόφευκτα τη διαφορική διάγνωση ειδικά σε αναπνευστικές παθήσεις. Το συγκεκριμένο περιστατικό καταδεικνύει την επιμονή στην απόδειξη του COVID-19, με τις υπόλοιπες διαγνώσεις να μοιάζουν απομακρυσμένες. Συμπεράσματα: Είναι απαραίτητο σε όλες τις περιόδους και υπό όλες τις συνθήκες, οι γιατροί να έχουν ανοιχτό μυαλό και να εξετάζουν μια πλειάδα διαφορικών διαγνώσεων.

65. **Κ. Έξαρχος**, Α. Αγγελοπούλου, Δ. Ποτονός, Α. Σιούτκου, Κ. Κωστίκας, “Αλγόριθμος Deep Learning για την ταξινόμηση σπιρομετρήσεων χρησιμοποιώντας καμπύλες ροής-όγκου”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.

Εισαγωγή: Η σπιρομέτρηση αποτελεί ένα σημαντικό εργαλείο διάγνωσης και παρακολούθησης αναπνευστικών παθήσεων. Στην πράξη, η ερμηνεία της σπιρομέτρησης περιλαμβάνει την ποιοτική αξιολόγηση της καμπύλης ροής-όγκου και την ποσοτική εκτίμηση των συνοδευτικών τιμών της σπιρομέτρησης. Σκοπός: Στην παρούσα μελέτη εκπαιδεύσαμε έναν αλγόριθμο Deep Learning με εικόνες καμπύλης ροής-όγκου ώστε να αναγνωρίζει και να κατατάσει τις σπιρομετρήσεις σε ένα από τα τρία πρότυπα: αποφρακτικό, περιοριστικό και φυσιολογικό. Μέθοδοι: Ο αλγόριθμος εκπαιδεύτηκε και δοκιμάστηκε σε ένα σύνολο 108 καμπυλών ροής-όγκου, σχεδόν ισοκατανεμημένες στα τρία πρότυπα. Οι σπιρομετρήσεις πραγματοποιήθηκαν με το φορητό σπιρόμετρο AirNext (NuvoAir, Σουηδία) στα εξωτερικά ιατρεία του Πανεπιστημιακού Γενικού Νοσοκομείου Ιωαννίνων. Αποτελέσματα: Η συνολική ακρίβεια του αλγορίθμου ήταν 96%, ενώ η ευαισθησία του ως προς την αναγνώριση του αποφρακτικού, περιοριστικού και φυσιολογικού προτύπου ήταν 94%, 97% και 98%, αντίστοιχα. Συμπέρασμα: Τα αποτελέσματα αυτής της προκαταρκτικής μελέτης υποδηλώνουν ότι ο προτεινόμενος αλγόριθμος μπορεί να ταξινομήσει καμπύλες ροής-όγκου αξιολογώντας αποκλειστικά τη μορφολογία της καμπύλης, προσομοιάζοντας την αρχική εκτίμηση της σπιρομέτρησης από έναν γιατρό. Στα επόμενα βήματα, ο αλγόριθμος θα εμπλουτιστεί με την ποσοτική αναφορά του σπιρόμετρου προκειμένου να επιτευχθεί μεγαλύτερη ακρίβεια και γενικευτική ικανότητα. Η πολυπλοκότητα του αλγορίθμου απαιτεί περαιτέρω επικύρωση με περισσότερα δεδομένα.

66. Γ. Γκρέπη, **Κ. Έξαρχος**, Ε. Σάλλα, Δ. Ποτονός, Β. Μπέλλου, Α. Σίμου, Ι. Παπαγεωργίου, Χ. Κυριακόπουλος, Χ. Χρόνης, Α. Κωνσταντινίδης, Σ. Περιστερή, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστίκας, “Λεμφωματοειδής κοκκιωμάτωση, μια

σπάνια περίπτωση μιμούμενη καρκίνου πνεύμονα”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.

Εισαγωγή: Η λεμφωματοειδής κοκκιωμάτωση είναι μια σπάνια κακοήθης λεμφοϋπερπλαστική διαταραχή Β-κυττάρων, αγγειοκεντρική και αγγειοκαταστροφική<sup>1</sup>, που σχετίζεται με τον ιό Epstein-Barr. Οι πνεύμονες προσβάλλονται συχνότερα, αλλά μπορεί επίσης να συμμετέχουν το κεντρικό νευρικό σύστημα, το δέρμα και το ήπαρ. Παρουσίαση περιστατικού: Άνδρας 75 ετών προσέρχεται στο Νοσοκομείο αιτιώμενος βήχα, απώλεια βάρους και κόπωση τους τελευταίους 3 μήνες. Από τον εργαστηριακό και απεικονιστικό έλεγχο διαπιστώθηκε σοβαρή αναιμία (Hb=8.4 g/dL, Hct=27.6%) και παθολογική ακτινογραφία θώρακα με πολλαπλές οζώδεις βλάβες μερικές εκ των οποίων με κοιλοποίηση. Πρόκειται για ενεργό καπνιστή (40 pack/years) ανοσοκατασταλμένο ασθενή, που ελάμβανε μεθοτρεξάτη για οροαρνητική ρευματοειδή αρθρίτιδα από 10ετίας περίπου. Η αξονική τομογραφία θώρακα ανέδειξε πολλαπλές αμφοτερόπλευρες οζώδεις αλλοιώσεις, κυρίως στα μέσα και κάτω πνευμονικά πεδία, οι περισσότερες από τις οποίες εμφάνιζαν κοιλοποίηση. Επίσης διαπιστώθηκε μια ευμεγέθους κοιλοποιημένη μάζα 8.5x7.2 cm στον αριστερό κάτω λοβό με συνοδό υπεζωκοτική συλλογή, καθώς και σύστοιχη πυλαία λεμφαδενοπάθεια (Εικόνα). Η αξονική τομογραφία εγκεφάλου και κοιλίας δεν ανέδειξαν παθολογικά ευρήματα. Λόγω αυξημένης υποψίας για κακοήθεια, ο ασθενής υποβλήθηκε σε βρογχοσκόπηση χωρίς μακροσκοπικά ευρήματα και επί αρνητικού κυτταρολογικού αποτελέσματος, υποβλήθηκε ακολούθως σε βρογχοσκόπηση με ενδοβρογχικό υπέρηχο (EBUS) χωρίς ιστολογική ή κυτταρολογική διάγνωση κακοήθειας. Πραγματοποιήθηκε επίσης διαγνωστική παρακέντηση της υπεζωκοτικής συλλογής οπότε διαπιστώθηκε εξίδρωμα με αρνητική κυτταρολογική εξέταση. Τα ANCA ήταν αρνητικά, ενώ η ενδοσκόπηση του πεπτικού δεν ανέδειξε παθολογία. Στη συνέχεια πραγματοποιήθηκε Video Assisted Thoracic Surgery (VATS) και η ιστολογική εξέταση ανέδειξε λεμφωματοειδή κοκκιωμάτωση Grade I. Συζήτηση: Μέχρι το αποτέλεσμα της βιοψίας, υπήρχε υψηλή υποψία για καρκίνου του πνεύμονα με μεταστάσεις. Η πορεία της λεμφωματοειδούς κοκκιωμάτωσης ποικίλλει 2 και δεν υπάρχουν σαφείς θεραπευτικές οδηγίες. Πραγματοποιήθηκε ρευματολογική και αιματολογική εκτίμηση με σύσταση για στενή παρακολούθηση με τακτικούς επανελέγχους. Συμπέρασμα: Τα πολυεστιακά οζίδια ανευρίσκονται σε κακοήθεις, ανοσολογικές ή άλλες σπάνιες καταστάσεις. Η βιοψία οζιδίων θα μπορούσε επίσης να υποδείξει μια συστηματική ασθένεια. Σε κάθε περίπτωση, απαιτείται επισταμένη διερεύνηση των οζιδίων για την έγκαιρη απόδειξη ή αποκλεισμό κακοήθειας.

67. Δ. Ποτονός, Ε. Μπερής, **Κ. Έξαρχος**, Α. Γόγαλη, Κ. Κωστίκας, “Συστηματική ανασκόπηση real world μελετών για την αποτελεσματικότητα των βιολογικών παραγόντων anti-IL5 σε σοβαρό άσθμα”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.

Το άσθμα είναι μια ετερογενής νόσος που χαρακτηρίζεται από χρόνια φλεγμονή των αεραγωγών. Περίπου 3-10% των ασθενών έχουν σοβαρό, μη ελεγχόμενο άσθμα, παρά τη μέγιστη αγωγή με εισπνεόμενα κορτικοστεροειδή και βρογχοδιασταλτικά μακράς δράσης. Τα τελευταία χρόνια έχουν αναπτυχθεί νεότερες θεραπείες με βιολογικούς παράγοντες, οι οποίοι στοχεύουν συγκεκριμένα μόρια στο μονοπάτι της φλεγμονής τύπου 2, όπως η ιντερλευκίνη 5 (IL-5) και ο υποδοχέας αυτής (IL-5R). Τυχαιοποιημένες κλινικές δοκιμές έχουν αναδείξει την ασφάλεια και την αποτελεσματικότητα των βιολογικών παραγόντων που έχουν εγκριθεί μέχρι σήμερα (mepolizumab, reslizumab, benralizumab), όμως πρόκειται για μελέτες που πραγματοποιούνται υπό ιδανικές συνθήκες και έχουν αυστηρά κριτήρια ένταξης και αποκλεισμού. Στην παρούσα εργασία πραγματοποιήσαμε συστηματική ανασκόπηση της βιβλιογραφίας στη βάση δεδομένων Pubmed ώστε να εντοπίσουμε real world μελέτες παρατήρησης σχετικά με την αποτελεσματικότητα

των βιολογικών παραγόντων mepolizumab, benralizumab και reslizumab, σε ασθενείς με σοβαρό άσθμα που προηγουμένως ελάμβαναν μέγιστη αγωγή χωρίς ωστόσο να έχουν λάβει βιολογικό παράγοντα. Για την εκτίμηση της αποτελεσματικότητας λάβαμε υπόψη τον αριθμό των παροξύνσεων, το λειτουργικό έλεγχο, τις νοσηλείες στο Νοσοκομείο, ερωτηματολόγια εκβάσεων και συμπτωμάτων καθώς και τη χρήση κορτικοστεροειδών. Από την αρχική αναζήτηση προέκυψαν συνολικά 2653 εργασίες και εξαιρέθηκαν άρθρα δημοσιευμένα σε πρακτικά συνεδρίων, σε παιδιατρικούς πληθυσμούς, διπλότυπα, τυχαιοποιημένες κλινικές δοκιμές, μετα-αναλύσεις, συστηματικές ανασκοπήσεις καθώς και εργασίες που εκτιμούσαν την αποτελεσματικότητα των ανωτέρω βιολογικών παραγόντων σε άλλη πάθηση εκτός του σοβαρού άσθματος. Τελικά συμπεριλήφθηκαν στην συστηματική ανασκόπηση 79 εργασίες. Η πλειονότητα των εργασιών αφορά τον βιολογικό παράγοντα mepolizumab (56 άρθρα, 70.9%), ακολουθούν εργασίες που μελετούν την αποτελεσματικότητα του παράγοντα benralizumab (21 άρθρα, 26.6%) ενώ υπάρχουν μόνο 2 εργασίες (2.5%) για το reslizumab σε ασθενείς με σοβαρό άσθμα. Η κατανομή αυτή είναι αναμενόμενη βάσει των ετών κυκλοφορίας του κάθε σκευάσματος, και αξίζει να σημειωθεί ότι υπάρχουν αρκετές χώρες στις οποίες δεν έχουν λάβει ακόμη έγκριση κυκλοφορίας κάποια ή και όλα τα παραπάνω σκευάσματα. Συγκεκριμένα στην Ελλάδα, μόνο τα mepolizumab και benralizumab έχουν λάβει έγκριση κυκλοφορίας για σοβαρό άσθμα. Οι σχετικές δημοσιεύσεις ξεκινούν από το 2018, με το μεγαλύτερο μέρος αυτών να έχει δημοσιευτεί κατά τα έτη 2020 και 2021 ενώ μόνο λίγες δημοσιεύτηκαν τα έτη 2018 και 2019. Σε ένα υποσύνολο των παραπάνω εργασιών και ειδικά για τους βιολογικούς παράγοντες mepolizumab και benralizumab έχει μελετηθεί η αποτελεσματικότητά τους σε χρόνια παραρρινοκολπίτιδα με ρινικούς πολύποδες καθώς και σε μικρότερο βαθμό σε ασθενείς με Σύνδρομο Αλληλοεπικάλυψης Άσθματος και ΧΑΠ (ACOS: Asthma COPD Overlap Syndrome) Με βάση τις μέχρι τώρα δημοσιευμένες μελέτες, διαφαίνεται η αποτελεσματικότητα των συγκεκριμένων βιολογικών παραγόντων σε σοβαρό άσθμα, ωστόσο περισσότερες real world μελέτες απαιτούνται, ιδίως για το reslizumab, ώστε να εξαχθούν πιο σαφή συμπεράσματα.

68. **Κ. Έξαρχος**, Λ. Λυπήρου, Χ. Χρόνης, Β. Σακκάς, Κ. Κωστίκας, “Αλγόριθμος Deep Learning για τη διαστρωμάτωση ασθενών με ΧΑΠ χρησιμοποιώντας μη πτητικές οργανικές ενώσεις στον εκπνεόμενο αέρα”, 30ο Πανελλήνιο Πνευμονολογικό Συνέδριο, Αθήνα, 2021.

Η Χρόνια Αποφρακτική Πνευμονοπάθεια (ΧΑΠ) αποτελεί μια συχνή πάθηση του αναπνευστικού συστήματος που συνοδεύεται από σημαντική νοσηρότητα και θνητότητα, και οφείλεται κατά κύριο λόγο στο κάπνισμα καθώς και σε άλλες ερεθιστικές ουσίες. Το πιο σημαντικό πρόβλημα στη φυσική ιστορία των ασθενών με ΧΑΠ είναι οι παροξύνσεις. Ως παρόξυνση ορίζεται κάθε οξεία επιδείνωση των συμπτωμάτων που έχει ως αποτέλεσμα επιπρόσθετη θεραπεία ή και νοσηλεία. Οι παροξύνσεις σχετίζονται με κακή έκβαση της νόσου και αυξημένο κίνδυνο θανάτου, επομένως είναι σημαντικό να προβλέψουμε ποιοι ασθενείς είναι υψηλού ρίσκου για παροξύνσεις. Στην παρούσα εργασία συλλέξαμε από 18 ασθενείς με ΧΑΠ δείγματα εκπνεόμενου αέρα, τα οποία υποβλήθηκαν διαδοχικά σε αέρια χρωματογραφία και σε φασματομετρία μάζας παράγοντας μια μοναδική εικόνα που αναπαριστά τις μη πτητικές ενώσεις που ανιχνεύονται στον εκπνεόμενο αέρα του κάθε ασθενούς. Με βάση το πλήθος των παροξύνσεων κατά το τελευταίο έτος οι παραπάνω ασθενείς διακρίθηκαν σε υψηλού ( $\geq 1$  παροξύνσεις) και χαμηλού ρίσκου για παροξύνσεις. Στη συνέχεια εκπαιδεύσαμε έναν αλγόριθμο Deep Learning για την κατηγοριοποίηση των ασθενών σε υψηλού και χαμηλού ρίσκου βάσει των εικόνων φασματομετρίας μάζας που προέκυψαν από την ανάλυση του εκπνεόμενου αέρα. Η συνολική ακρίβεια του αλγορίθμου ήταν 83%, η ευαισθησία 89% και η ειδικότητα 78%. Ο αλγόριθμος επιτυγχάνει ικανοποιητική απόδοση χρησιμοποιώντας ως είσοδο μόνο

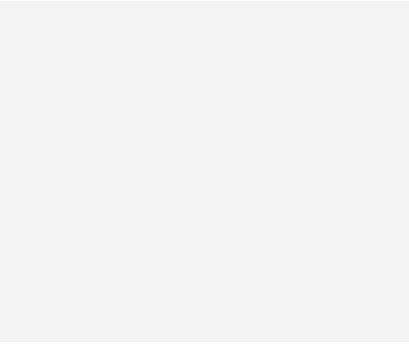
τις εικόνες φασματομετρίας μάζας, χωρίς να λαμβάνει υπόψη τυπικές παραμέτρους που σχετίζονται με τη βαρύτητα της νόσου ή το πλήθος των παροξύνσεων. Οι πτητικές οργανικές ενώσεις έχουν χρησιμοποιηθεί για τη διάγνωση και παρακολούθηση διαφόρων παθήσεων μιας και μπορούν να συλληθούν με σχετικά απλό και μη παρεμβατικό τρόπο. Παρά τα ενθαρρυντικά αποτελέσματα, ο αλγόριθμος πρέπει να εκπαιδευτεί σε μεγαλύτερα σύνολα ασθενών ώστε να αποτιμηθεί η γενικευτική του ικανότητα. Επίσης, η προσθήκη περισσότερων παραμέτρων αναμένεται να βελτιώσει σημαντικά την ακρίβεια του αλγορίθμου.

69. **K.P. Exarchos**, G. Gkrepi, E. Salla, A. Gogali, K. Kostikas, “An unexpected case of bilateral infiltrates during the COVID-19 pandemic”, CHEST Congress 2022, Bologna, Italy, 2022.

Introduction: Amidst the COVID-19 pandemic physicians treated numerous patients exhibiting a wide array of COVID-related symptoms; they were trained to detect subtle and non-specific symptoms and treat almost everyone as a suspected COVID-19 patient. Case Presentation: A 50-year-old male was brought to the ED with suspected SARS-CoV2 infection, with a 4-day history of dry cough, fever and shortness of breath, with SpO2 of 80% on room air. He was otherwise fit and healthy, non-smoker, working as a cow farmer. The physical examination was unremarkable except for bilateral crackles on auscultation. The patient was immediately subject to RT-PCR test for SARS-CoV-2 that was negative. His blood work demonstrated thrombopenia, increased AST, ALT, as well as CRP. The chest X-ray and CT scan revealed bilateral ground-glass infiltrates (Fig. 1) and he was subject to another RT-PCR test for SARS-CoV-2. Upon negative result, he was transferred to the Respiratory clinic in isolation, where he was subject to RT-PCR testing two more times. Serologic testing was positive for Leptospirosis; subsequent transthoracic echocardiogram was suggestive of myocarditis with diffuse hypokinesis, verified with a cardiac MRI. The patient received Ceftriaxone, Moxifloxacin and diuretics, with clinical, respiratory and radiologic improvement. Discussion: The high prevalence of COVID-19 within the past years has inevitably affected the differential diagnosis process, especially in respiratory conditions. This case is exemplar of this COVID-19 pursuit where other diagnoses seem distant. Conclusions: It is essential that physicians maintain an open mind and consider a broad set of differential diagnoses.

70. G. Gkrepi, E. Salla, **K.P. Exarchos**, A. Gogali, K. Kostikas, “Lymphomatoid granulomatosis, a rare case mimicking lung cancer”, CHEST Congress 2022, Bologna, Italy, 2022.

Lymphomatoid granulomatosis (LG) is a malignant B-cell angiocentric and angiodestructive lymphoproliferative disorder 1, associated with Epstein-barr virus. The lung is affected more frequently, but the disease may also involve the central nervous system, the skin and the liver. 2 CASE PRESENTATION A 75-year-old male initially presented with cough, weight loss and fatigue over the last 3 months. From laboratory and imaging investigation he had anemia and abnormal chest x-ray. He was immunosuppressed, receiving methotrexate for seronegative rheumatoid arthritis. Thoracic CT revealed multifocal bilateral nodular masses, mostly in middle and lower lungs. Most of them are cavitated. Especially there was a large cavitated mass 8.5x7.2cm in left lower lobe with pleural effusion at the same side and hilar lymphadenopathy. Brain and abdominal CT had no lesions. He underwent bronchoscopy and EBUS bronchoscopy without histological /cytological diagnosis. The pleural infusion was exudate with negative cytological examination. Video Assisted Thoracic Surgery (VATS) was performed and the histological diagnosis was



lymphomatoid granulomatosis grade I. DISCUSSION Until biopsy result, lung cancer with metastases was highly suspected. The course of the disease varies. 2 Rheumatologic al and heamatological surveillance was suggested. CONCLUSION Multifocal nodules are found in malignant, immunological or other rare conditions. Biopsy of nodules could also suggest a systemic disease.