



**ΕΘΝΙΚΟ ΚΑΙ ΚΑΠΟΔΙΣΤΡΙΑΚΟ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΑΘΗΝΩΝ  
ΣΧΟΛΗ ΘΕΤΙΚΩΝ ΕΠΙΣΤΗΜΩΝ  
ΤΜΗΜΑ ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ ΚΑΙ ΤΗΛΕΠΙΚΟΙΝΩΝΙΩΝ**

**ΔΙΑΤΜΗΜΑΤΙΚΟ ΠΡΟΓΡΑΜΜΑ ΜΕΤΑΠΤΥΧΙΑΚΩΝ ΣΠΟΥΔΩΝ  
"ΤΕΧΝΟΛΟΓΙΕΣ ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ ΣΤΗΝ ΙΑΤΡΙΚΗ ΚΑΙ ΤΗ ΒΙΟΛΟΓΙΑ"**

**ΔΙΠΛΩΜΑΤΙΚΗ ΕΡΓΑΣΙΑ**

**ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΗΣ ΣΥΝΔΥΑΣΤΙΚΗΣ ΕΠΙΔΡΑΣΗΣ ΤΩΝ  
ΒΙΟΛΟΓΙΚΩΝ ΔΙΚΤΥΩΝ ΚΑΙ ΤΩΝ ΔΙΑΦΟΡΙΚΩΝ ΓΟΝΙΔΙΑΚΩΝ  
ΕΚΦΡΑΣΕΩΝ ΣΤΗΝ ΕΠΙΛΟΓΗ ΣΗΜΑΝΤΙΚΩΝ ΓΟΝΙΔΙΩΝ ΩΣ  
ΒΙΟΔΕΙΚΤΕΣ ΓΙΑ ΤΟΝ ΚΑΡΚΙΝΟ ΤΟΥ ΜΑΣΤΟΥ**

**ΜΑΡΙΛΕΝΑ Μ. ΜΠΟΥΡΔΑΚΟΥ**

**Επιβλέπων: Δρ. Γεώργιος Μ. Σπύρου, Ειδικός Λειτουργικός Επιστήμονας (βαθμίδα Α')**

**ΑΘΗΝΑ**

**ΔΕΚΕΜΒΡΙΟΣ 2013**

## **ΔΙΠΛΩΜΑΤΙΚΗ ΕΡΓΑΣΙΑ**

**ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΗΣ ΣΥΝΔΥΑΣΤΙΚΗΣ ΕΠΙΔΡΑΣΗΣ ΤΩΝ ΒΙΟΛΟΓΙΚΩΝ ΔΙΚΤΥΩΝ ΚΑΙ ΤΩΝ ΔΙΑΦΟΡΙΚΩΝ ΓΟΝΙΔΙΑΚΩΝ ΕΚΦΡΑΣΕΩΝ ΣΤΗΝ ΕΠΙΛΟΓΗ ΣΗΜΑΝΤΙΚΩΝ ΓΟΝΙΔΙΩΝ ΩΣ ΒΙΟΔΕΙΚΤΕΣ ΓΙΑ ΤΟΝ ΚΑΡΚΙΝΟ ΤΟΥ ΜΑΣΤΟΥ**

**ΜΑΡΙΛΕΝΑ Μ. ΜΠΟΥΡΔΑΚΟΥ**

**A.M.: ΠΙΒ 066**

**Επιβλέπων: Δρ. Γεώργιος Μ. Σπύρου, Ειδικός Λειτουργικός Επιστήμονας (βαθμίδα Α')**

**ΕΞΕΤΑΣΤΙΚΗ ΕΠΙΤΡΟΠΗ: Γεώργιος Μ. Σπύρου, Ειδικός Λειτουργικός Επιστήμονας (βαθμίδα Α')**

**Εμμανουήλ Σαγκριώτης, Αν. Καθηγητής, Τμήμα Πληροφορικής και Τηλεπικοινωνιών**

**Δέσποινα Σανούδου, Επίκουρη Καθηγήτρια, Εργαστήριο Φαρμακολογίας, Ιατρική Σχολή**

**ΔΕΚΕΜΒΡΙΟΣ 2013**

## ΠΕΡΙΛΗΨΗ

Τα γονίδια και οι πρωτεΐνες ενός οργανισμού είναι καλύτερο να αντιμετωπίζονται σαν ένα σύστημα παρά μεμονωμένα, προκειμένου να κατανοηθούν ακριβέστερα οι μηχανισμοί δράσης τους καθώς και η σχέση τους με άλλα μόρια. Αυτή η συστημική θεώρηση των γονιδίων και των πρωτεϊνών που είτε μετέχουν σε έναν μηχανισμό δράσης είτε εμπλέκονται σε μια ασθένεια, περιλαμβάνει την δημιουργία διαφόρων τύπων δικτύων, π.χ. πρωτεϊνικά δίκτυα αλληλεπίδρασης, μεταβολικά δίκτυα, κ.τ.λ, με τη μορφή γράφων. Σε αυτούς τους γράφους, οι κόμβοι αντιπροσωπεύουν τα βιομόρια τα οποία ενώνονται μεταξύ τους με ακμές, οι οποίες αποτυπώνουν όχι μόνο την ύπαρξη αλλά και το μέγεθος της αλληλεπίδρασης. Σκοπός αυτής της εργασίας είναι η μελέτη της επίδρασης των μοριακών δικτύων στον εντοπισμό "σημαντικών" γονιδίων ως προς μία ασθένεια. Συγκεκριμένα, συνδυάζοντας διαφορετικές τιμές έκφρασης γονιδίων από τη μια και δίκτυα αλληλεπίδρασης από την άλλη, επιδιώκουμε την καλύτερη επανακατάταξη γονιδίων σε λίστες, με κύριο στόχο να αναδείξουμε τα γονίδια εκείνα που σχετίζονται με μηχανισμούς της εξεταζόμενης ασθένειας. Η επανακατάταξη αυτή επιτυγχάνεται με τον εμπλουτισμό των λιστών γονιδίων που παράγονται από κλασσικές μεθόδους επιλογής χαρακτηριστικών με πληροφορία που προέρχεται από δίκτυα γονιδίων.

**ΘΕΜΑΤΙΚΗ ΠΕΡΙΟΧΗ:** Συστημική Βιολογία

**ΛΕΞΕΙΣ ΚΛΕΙΔΙΑ:** διαφορετικές τιμές έκφρασης γονιδίων, δίκτυα αλληλεπίδρασης, συνδυαστικές μέθοδοι, ταξινόμηση, αξιολόγηση

## **ABSTRACT**

It is widely accepted that is better off analyzing genes and proteins in an organism as a system rather than isolated, in order to achieve insights about the underlying regulatory mechanisms or their interactions. This systemic perspective on genes and proteins, which participate either in a mechanism or in a disease, entails the use of several types of networks, for example protein-protein interaction, metabolic networks, etc., with the aid of graphs. In those graphs, nodes represent biomolecules whereas edges describe on the one hand the existence of an interaction while on the other the magnitude of this interaction. The aim of this study is to reveal the potential influence of molecular networks in determining "significant" genes related to a specific disease. In particular, combining differential gene expression values and interaction networks we aim at producing re-ranked gene lists where the top ranked genes are those associated closely with mechanisms of the inspected disease. The gene lists produced through common feature selection techniques, are initially enriched with information derived from gene networks and finally re-ranked accordingly.

**SUBJECT AREA:** System Biology

**KEYWORDS:** differential gene expression values, interaction networks, reconciling methods, classification, validation