

**Θέμα Διπλωματικής:** Αναζήτηση και ανάλυση περιοχών σε πρωτεώματα οργανισμών με ιδιάζοντα χαρακτηριστικά ακολουθίας.

## **ΚΑΤΕΥΘΥΝΣΗ : ΒιοΠληροφορικής**

### **Σύντομη Περιγραφή:**

Σε κάθε πρωτέωμα (το σύνολο των πρωτεϊνών) οργανισμού εμφανίζονται περιοχές με ιδιάζοντα χαρακτηριστικά ακολουθίας όπως οι μοναδικότητες ή και εξαιρετικά έντονες πολλαπλότητες.

Στην παρούσα εργασία θα αναπτυχθούν αλγόριθμοι εξόρυξης δεδομένων και αυτοματοποιημένης εξαγωγής πληροφορίας σε μεγάλη κλίμακα, χρησιμοποιώντας και τη δυνατότητα του υπολογιστή υψηλής ισχύος που διαθέτει το ΙΒΕΑΑ.

Το θέμα είναι πρωτότυπο και κατά το πέρας της εργασίας αναμένεται ότι θα προκύψουν δημοσιεύσιμα αποτελέσματα.

**Επιβλέπων:** Για περισσότερες πληροφορίες επικοινωνήσατε με τον Δρ. Γεώργιο Μ. Σπύρου, ΙΒΕΑΑ, τηλ. 210-6597151, e-mail: [gspyrou@bioacademy.gr](mailto:gspyrou@bioacademy.gr)

### **Σχετικές Αναφορές:**

Alexandridou, A., Dovrolis, N., Tsangaris, G.T., Nikita, K., Spyrou, G.  
PepServe: A web server for peptide analysis, clustering and visualization  
(2011) **Nucleic Acids Research**, 39 (SUPPL. 2), pp. W381-W384.

Alexandridou, A., Tsangaris, G.Th., Nikita, K., Spyrou, G.M.  
Investigating the uniqueness of peptides in human signal and bioactive peptides  
(2010) **Proceedings of the IEEE/EMBS Region 8 International Conference on Information Technology Applications in Biomedicine, ITAB**, art. no. 5687617, .

Valavanis, I., Spyrou, G., Nikita, K.  
A similarity network approach for the analysis and comparison of protein sequence/structure sets  
(2010) **Journal of Biomedical Informatics**, 43 (2), pp. 257-267.

Alexandridou, A., Tsangaris, G.Th., Vougas, K., Nikita, K., Spyrou, G.  
UniMaP: Finding unique mass and peptide signatures in the human proteome  
(2009) **Bioinformatics**, 25 (22), pp. 3035-3037. Cited 7 times.

Vasilakos, A.V., Spyrou, G.  
Computational intelligence in medicine and biology: A survey  
(2008) **Journal of Computational and Theoretical Nanoscience**, 5 (12), pp. 2365-2376. Cited 2 times.

Valavanis, I.K., Spyrou, G.M., Nikita, K.S.  
Protein similarity networks and genetic algorithm driven feature selection for fold recognition  
(2008) **8th IEEE International Conference on Bioinformatics and BioEngineering**, BIBE 2008, art. no. 4696704, .

Alexandridou, A., Tsangaris, G.Th., Vougas, K., Nikita, K., Spyrou, G.  
Peptide Finder: Mapping measured molecular masses to peptides and proteins  
(2008) **Bioinformatics**, 24 (19), pp. 2267-2269. Cited 5 times.