

Βιοπληροφορική ανάλυση, διαχείριση και οργάνωση βιολογικών δεδομένων σχετιζόμενων με τη μετα-μεταφραστική ρύθμιση.

Η μετα-μεταφραστική ρύθμιση αποτελεί ένα σημαντικό, γρήγορο και ενεργειακά αποδοτικό επίπεδο της κυτταρικής ρύθμισης, για το οποίο έχουν αναπτυχθεί πολλές ομικές τεχνολογίες μεγάλης κλίμακας. Η μετα-μεταφραστική τροποποίηση των αμινοξέων και ειδικότερα η πρωτεϊνική φωσφορυλίωση και μεθυλίωση έχουν κεντρικό ρόλο. Αυτή η διδακτορική διατριβή εστίασε σε δημοσιευμένα δεδομένα φωσφοπρωτεωμικής και μεθυλ-πρωτεωμικής με σκοπό να αναπτύξει υπολογιστικά εργαλεία και βιοπληροφορικές μεθόδους/αναλύσεις που θα μπορούν να τα αναλύσουν και να εξάγουν γνώση για τις ιδιότητες αυτού του επιπέδου ρύθμισης. Κατά την διάρκεια αυτής της διατριβής, συλλέχθηκαν, φιλτραρίστηκαν, αποθηκεύτηκαν και οργανώθηκαν δημοσιευμένα δεδομένα, με τη βοήθεια ενός υπολογιστικού εργαλείου διαχείρισης της Βιβλιογραφίας και μιας βάσης δεδομένων που ανέπτυξα. Επιπλέον, και άλλα ομικά και εξελικτικά δεδομένα ενσωματώθηκαν με σκοπό να πραγματοποιηθούν βιοπληροφορικές αναλύσεις σε βάθος. Στατιστικές αναλύσεις επέτρεψαν να εκτιμηθεί το σύνολο των πρωτεϊνών και των αμινοξέων ενός ευκαρυωτικού οργανισμού που υφίστανται φωσφορυλίωση. Μια εις βάθος βιοπληροφορική ανάλυση επέτρεψε να αποκαλυφθεί η σημασία της πρωτεϊνικής φωσφορυλίωσης στην ρύθμιση του κεντρικού μεταβολισμού του ζυμομύκητα *S. cerevisiae* όπως επίσης και οι θέσεις φωσφορυλίωσης με πιθανές βιοτεχνολογικές εφαρμογές, σε περίπτωση στοχευμένης μετάλλαξής τους. Επιπλέον, αναπτύχθηκαν νευρωνικά δίκτυα για την πρόβλεψη θέσεων φωσφορυλίωσης, μεθυλίωσης, καθώς επίσης και συνδυαστικών μοριακών διακοπών. Τα εργαλεία και οι μέθοδοι/αναλύσεις που αναπτύχθηκαν/εφαρμόστηκαν κατά την πραγματοποίηση αυτής της διατριβής δύνανται να εξελιχθούν ώστε να επιτρέψουν την ενσωμάτωση επιπλέον μετα-μεταφραστικών τροποποιήσεων στο μέλλον.