**Περίληψη**

Η πρωτεόλυση είναι μια καθολική και θεμελιώδης βιολογική διεργασία, κρίσιμη για τη διατήρηση της κυτταρικής ομοιόστασης και τη ρύθμιση διαφόρων βιολογικών λειτουργιών σε όλους τους οργανισμούς. Αυτός ο πολύπλοκος μηχανισμός περιλαμβάνει την ενζυμική υδρόλυση πεπτιδικών δεσμών, με αποτέλεσμα τη διάσπαση των πρωτεϊνών σε μικρότερα πεπτίδια και αμινοξέα. Τα πρωτεολυτικά συστήματα έχουν εξελιχθεί σε μηχανισμούς με αυστηρή ρύθμιση και συντονίζουν τη δυναμική ισορροπία μεταξύ της αποικοδόμησης και της σύνθεσης πρωτεϊνών, η οποία είναι απαραίτητη για τη σωστή κυτταρική λειτουργία και την αναδιαμόρφωση των ιστών. Η παρούσα διατριβή διερευνά την εξελικτική πορεία των των καλπαϊνών, των καθεψινών και των μεταλλοπρωτεασών εξωκυττάριου χώρου (MMPs), τη γονιδιακή τους αρχιτεκτονική και τα πρότυπα έκφρασής τους. Επικεντρώνεται στην εξελικτική δυναμική αυτών των πρωτεασών στην τσιπούρα (*Sparus aurata*) και στο λαβράκι (*Dicentrarchus labrax*), υπό το πρίσμα των γεγονότων διπλασιασμού ολόκληρου του γονιδιώματος. Η μελέτη αποσκοπεί στην κατανόηση του τρόπου με τον οποίο αυτά τα γεγονότα διπλασιασμού επηρέασαν τη διαφοροποίηση, τη λειτουργία και τους ρυθμιστικούς μηχανισμούς αυτών των ενζύμων στα συγκεκριμένα είδη.

Τα αποτελέσματα, δείχνουν ότι τα γεγονότα διπλασιασμού του γονιδιώματος, ιδίως ο ειδικός για τους τελεόστεους, διπλασιασμός ολόκληρου του γονιδιώματος (TS-WGD), έχουν διαδραματίσει σημαντικό ρόλο στην εξελικτική πορεία αυτών των γονιδίων. Οι αναλύσεις φυλογενετικής και συνταινικότητας, μαζί με την *in silico* ανάλυση της δομής των πρωτεϊνών αποκάλυψαν ότι οι διπλασιασμοί διαμόρφωσαν αυτές τις οικογένειες γονιδίων. Επιπρόσθετα, εντοπίστηκαν συντηρημένοι και αποκλίνοντες λειτουργικοί μηχανισμοί διαχωρίζοντας τις καθολικές από τις ειδικές, για κάθε είδος, διεργασίες. Η λεπτομερής εξέταση της εξελικτικής τροχιάς των καλπαϊνών, των καθεψινών και των μεταλλοπρωτεασών εξωκυττάριου χώρου (MMPs), έδειξε ότι 12 οικογένειες γονιδίων (*capn11, capn14, capn2, capn3, capns1, capn15, capn5, capn6, ctsh, ctss, ctsz και mmp11*) προήλθαν από τον TS-WGD, ενώ έξι γονίδια (*capn2, capn8, ctsd, ctsb, ctsz και mmp13*) διατηρήθηκαν από προηγούμενους διπλασιασμούς των σπονδυλωτών (1R-2R). Ακόμη, εντοπίστηκαν ειδικοί για τη γενεαλογία της τσιπούρας, διπλασιασμοί, οι οποίοι προέκυψαν μετά τα κύρια γεγονότα WGD.

Όπως προέκυψε από αναλύσεις έκφρασης, τα παράλογα των καλπαϊνών, των καθεψινών και των μεταλλοπρωτεασών εξωκυττάριου χώρου τόσο στην τσιπούρα όσο και στο λαβράκι μεταγράφονται, παρόλο που παρουσιάζουν ρυθμιστική ή/και λειτουργική διαφοροποίηση μεταξύ τους. Τα διαφορετικά πρότυπα έκφρασης, σε συνδυασμό με τη διατήρηση της πρωτεϊνικής δομής στα παράλογα, υποδηλώνουν ότι η πιθανότερη εξελικτική μοίρα αυτών των παραλόγων είναι ο ρυθμιστικός επιμερισμός της λειτουργίας τους. Επιπλέον, η παρούσα διατριβή ανέδειξε μη συνώνυμους πολυμορφισμούς, οι οποίοι εδράζουν εντός των κωδικών περιοχών των καλπαϊνών, των καθεψινών και των MMPs και συσχετίστηκαν με διαφοροποιήσεις στην δραστηριότητα αυτών των ενζύμων μετά την αλίευση (βιοχημικός φαινότυπος). Αυτό οδήγησε στην ανάπτυξη ενός εργαλείου γονοτύπησης με στόχο την παραγωγή ιχθύων με χαμηλότερη πρωτεολυτική δραστικότητα, παρατείνοντας έτσι τον εμπορικό χρόνο ζωής των φιλέτων ιχθύων μέσω της μείωσης του ρυθμού αποικοδόμησης των πρωτεϊνών.