Η πρόοδος των τεχνολογιών αλληλούχισης νέας γενιάς και της βιοπληροφορικής έχουν επιτρέψει τη συσσώρευση τεράστιου όγκου γονιδιωματικών δεδομένων, τα οποία με τη σειρά τους έχουν φέρει επανάσταση στον τομέα της γονιδιωματικής έρευνας. Στη συγκεκριμένη διατριβή, αναπτύχθηκε ένα υπολογιστικό εργαλείο, με την ονομασία pyPGCF, το οποίο είναι ικανό να διαχειρίζεται και να αναλύει, με μεγάλη απόδοση, εκατοντάδες έως και χιλιάδες γονιδιώματα. Το pyPGCF μπορεί να εφαρμοστεί τόσο σε προκαρυώτες όσο και σε ευκαρυώτες και να εκτελέσει διάφορες αναλύσεις, συμπεριλαμβανομένων της φυλογενωμικής, της αναγνώρισης του γονιδιώματος πυρήνα και της αναγνώρισης των γονιδίων αποτυπωμάτων, τα οποία μπορεί να εμπλέκονται στις προσαρμογές της κάθε εξελικτικής γραμμής. Το pyPGCF μπορεί να αναλύσει γονιδιώματα στη κλίμακα των χιλιάδων με ελάχιστο υπολογιστικό κόστος σε σύγκριση με άλλα υπάρχοντα εργαλεία. Συγκεκριμένα, κατά τη διάρκεια της συγκεκριμένης διατριβής, το pyPGCF χρησιμοποιήθηκε για την ανάλυση 742 και 1,104 γονιδιωμάτων από τα βακτηριακά γένη *Streptomyces* και *Bacillus* που χρήζουν ιδιαίτερου ενδιαφέροντοςστη βιοτεχνολογία και την ιατρική. Οι αναλύσεις του γένους *Streptomyces* ανέδειξαν την αξιοσημείωτη ποικιλομορφία τόσο μεταξύ όσο και εντός των διαφορετικών ειδών, την πλαστικότητα του γονιδιώματος του γένους και τα διάφορα γονίδια-αποτυπώματα ορισμένων εξελικτικών γραμμών. Επιπλέον, οι αναλύσεις του γένους *Bacillus* αναγνώρισαν πολλαπλά γονίδια-αποτυπώματα του κλάδου Cereus, ο οποίος συγκαταλέγει πολλά σημαντικά παθογόνα. Τα συγκεκριμένα γονίδια-αποτυπώματα ενδέχεται να είναι χρήσιμα ως θεραπευτικοί στόχοι και μοριακά διαγνωστικά εργαλεία. Το δεύτερο μέρος της διατριβής επικεντρώθηκε στις συγκριτικές γονιδιωματικές αναλύσεις, μεγάλης κλίμακας, κλινικά σημαντικών RNA και DNA ιών και πιο συγκεκριμένα των Κορονοϊών και των HPV-16, όσον αφορά το δυναμικό μεταλλάξεων και ανασυνδυασμού. Οι αναλύσεις των Κορονοϊών ανέδειξαν την εξελικτική αστάθεια του γονιδίου της ακίδας (Spike) και της γενωμικής γειτονιάς του, καθώς μεταλλάσσεται συχνά και εμπλέκεται σε γεγονότα ανασυνδυασμού. Τα αποτελέσματα αυτά έχουν επιπτώσεις για την πανδημία του SARS-CoV-2, τη μελλοντική της πορεία και για την ανάπτυξη εμβολίων μέσω της αναγνώρισης εξελικτικά συντηρημένων γενωμικών περιοχών. Οι αναλύσεις των HPV-16 έδειξαν ότι η ανάλυση ολόκληρου του γονιδιώματος είναι απαραίτητη προκειμένου να πραγματοποιηθεί σωστή γονοτύπηση και εκτίμηση κινδύνου. Για το συγκεκριμένο σκοπό αναπτύχθηκε ένα λογισμικό που αυτοματοποιεί τις συγκεκριμένες αναλύσεις. Το εργαλείο αυτό, μπορεί να αναλύσει με μεγάλη ταχύτητα πλήρη ή σχεδόν πλήρη γονιδιώματα των HPV-16 και να πραγματοποιήσει γονοτύπηση, ανάλυση ανασυνδυασμού και αναγνώριση SNPs που αυξάνουν τον κίνδυνο ανάπτυξης καρκίνου.