

Ονοματεπώνυμο: Κλειώ-Μαρία Βέρρου

Τριμελής Επιτροπής:

1. Σφηκάκης Πέτρος
2. Κόλλιας Γεώργιος
3. Νικολάου Χριστόφορος

Τίτλος Διατριβής: "Χαρακτηρισμός ανοσολογικών βιοδεικτών μέσω ανάλυσης του μεταγραφώματος του περιφερικού αίματος με μεθόδους μηχανικής μάθησης"

Περίληψη:

Ως φλεγμονή ορίζεται η απόκριση του ανοσοποιητικού συστήματος σε κάποιο ερέθισμα. Οι τρεις βασικοί παράγοντες ενεργοποίησης της φλεγμονής είναι η μόλυνση από κάποιο παθογόνο, η αυτοανοσία/αυτοφλεγμονή και ο καρκίνος. Παρότι και οι τρεις τύποι έχουν κοινά κλινικά χαρακτηριστικά, όπως πόνο, πυρετό και την υπερέκφραση χημειοκινών και κυτοκινών, σε μεγαλύτερο βάθος, η μοριακή τους βάση διαφοροποιείται. Επομένως, και οι θεραπείες τους διαφέρουν. Γενικά, βιοδείκτες για κάποιες αιτίες φλεγμονής και ασθένειες έχουν αναγνωριστεί εδώ και πολλά χρόνια. Ωστόσο, σε αυτήν την διατριβή θα προσπαθήσουμε να αποσαφηνίσουμε το εάν είναι δυνατόν να προσδιοριστούν βιοδείκτες από δεδομένα αλληλούχησης νέας γενιάς του RNA του περιφερικού αίματος που θα υποδεικνύουν τον γενικό τύπο της φλεγμονής. Για το λόγο αυτό, θα πραγματοποιηθεί εξειδικευμένη και εις βάθος αναζήτηση διεθνούς βιβλιογραφίας και θα συμπεριληφθούν στην ανάλυση δημοσιευμένα δεδομένα αλληλούχησης νέας γενιάς του RNA από ανθρώπινο περιφερικό αίμα, συνοδευόμενα από δημοσιευμένες πρότυπες ερευνητικές εργασίες. Στοχεύοντας στον προσδιορισμό των βιοδεικτών, θα χρησιμοποιήσουμε αλγόριθμους τελευταίας τεχνολογίας από τους τομείς της ανάλυσης δεδομένων και της μηχανικής μάθησης. Τα αναμενόμενα αποτελέσματα αφορούν στην ταυτοποίηση γονιδίων που μπορούν να χρησιμοποιηθούν ως βιοδείκτες για τον προσδιορισμό των τριών τύπων φλεγμονώδους απόκρισης από δεδομένα αλληλουχίας RNA περιφερικού αίματος.

Name : Kleio-Maria Verrou

Three-member Advisory Committee:

1. Sfikakis Petros
2. Kollias George
3. Nikolaou Christoforos

Title: "Identification of immune biomarkers of peripheral blood transcriptome through machine learning"

Abstract:

Inflammation refers to the response of the immune system to a source of irritation. Infection, autoimmunity/autoinflammation and cancer are the three main triggers of inflammation. Even if all three inflammation types share clinical features, like pain, fever, and chemokines and cytokines overexpression, they divert in a deeper molecular basis. Therefore, their treatments differ. Biomarkers for distinct inflammation causes and diseases have been identified for many years. However, in this project we question whether it is possible to identify from peripheral blood RNA sequencing data biomarkers that will indicate the type of the inflammation. For this reason, an extensive literature search will be addressed and published next generation RNA sequencing data from human peripheral blood, accompanied by publicly available peer-reviewed manuscripts, will be included in the analysis. Aiming to the identification of biomarkers, we will utilize state-of-the-art algorithms from the fields of data analysis and both supervised and unsupervised machine learning. The expected results will be the identification of genes that can be used as biomarkers to identify the 3 inflammatory response types from peripheral blood RNA sequencing data.