



ΔΗΜΟΚΡΙΤΕΙΟ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΘΡΑΚΗΣ
ΣΧΟΛΗ ΕΠΙΣΤΗΜΩΝ ΥΓΕΙΑΣ
ΤΜΗΜΑ ΜΟΡΙΑΚΗΣ ΒΙΟΛΟΓΙΑΣ ΚΑΙ ΓΕΝΕΤΙΚΗΣ

ΕΡΓΑΣΤΗΡΙΟ ΓΟΝΙΔΙΑΚΗΣ ΕΚΦΡΑΣΗΣ,
ΜΟΡΙΑΚΗΣ ΔΙΑΓΝΩΣΗΣ
& ΣΥΓΧΡΟΝΩΝ ΘΕΡΑΠΕΥΤΙΚΩΝ ΜΕΣΩΝ

DarkMatters Research Group

Υποψήφια θέματα διπλωματικών εργασιών 2026 (Αντώνης Γιαννακάκης, PI)

1. Machine Learning-Based Identification and Prediction of Molecular Stress Signatures

Στόχος της διπλωματικής είναι η ανάπτυξη υπολογιστικών μοντέλων μηχανικής μάθησης για την αναγνώριση και ποσοτικοποίηση μοριακών υπογραφών κυτταρικού στρες, με έμφαση στη διάκριση διαφορετικών τύπων στρεσογόνων καταστάσεων και στην ανάδειξη συμπαγών, προβλεπτικών γονιδιακών προτύπων. Η εργασία θα διερευνήσει τη δυνατότητα εξαγωγής αξιόπιστων stress scores από δεδομένα RNA-seq και την ενσωμάτωσή τους στην πλατφόρμα ASTRA ως εργαλείο πρόβλεψης και συστηματικής χαρτογράφησης της απόκρισης στο στρες. Αναμένεται να παραχθεί ένα λειτουργικό μοντέλο ταξινόμησης και ένα υπολογιστικό πλαίσιο αξιολόγησης stress signatures, με προοπτική περαιτέρω ερευνητικής και δημοσιευτικής αξιοποίησης.

2. Systems-Level Identification and Functional Characterization of Stress-Induced lncRNAs in Cancer

Τα καρκινικά κύτταρα εκτίθενται σε υποξία, οξειδωτικό και μεταβολικό στρες, ER stress και φλεγμονώδες μικροπεριβάλλον, ενεργοποιώντας προσαρμοστικούς μηχανισμούς που ευνοούν την επιβίωση, την πλαστικότητα και την αντοχή στη θεραπεία. Τα lncRNAs αποτελούν κρίσιμους ρυθμιστές αυτών των αποκρίσεων, επηρεάζοντας μεταγραφικά δίκτυα, σηματοδοτικά μονοπάτια (π.χ. interferon και DNA damage response) και την αλληλεπίδραση με το ανοσολογικό μικροπεριβάλλον. Ωστόσο, απουσιάζει μια συστηματική, δια-καρκινική χαρτογράφηση των stress-induced lncRNAs. Η εργασία θα αξιοποιήσει μεταγραφωμικά και ογκογονιδιωμικά δεδομένα από το The Cancer Genome Atlas και το Gene Expression Omnibus, σε συνδυασμό με τα stress modules του ASTRA, με στόχο τον εντοπισμό συντηρημένων lncRNA υπογραφών στρες, τη συσχέτισή τους με κλινικές παραμέτρους (όπως επιβίωση και ανοσολογική διήθηση) και την ανάπτυξη ενός multi-omics πλαισίου για τη συστηματική κατανόηση της προσαρμογής των όγκων στο στρες.

3. Quality-Aware Integration of Extracellular Vesicle Transcriptomic Data with Stress Signatures Across Human Biofluids

Η διπλωματική εργασία στοχεύει στην ολοκληρωμένη και ποιοτικά σταθμισμένη ανάλυση εξωσωματικών RNA δεδομένων, μέσω της ενοποίησης μοριακού φορτίου από τη βάση ExoCarta, μεταδεδομένων αξιοπιστίας από το EV-TRACK και RNA-seq προφίλ από το dataset EGAD00001005439 του European Genome-phenome Archive, σε συνδυασμό με τα stress response modules του ASTRA. Στόχος είναι η αναγνώριση υψηλής αξιοπιστίας stress-associated εξωσωματικών RNAs, η ανάπτυξη ενός quality-weighted exosomal stress signature και η δημιουργία ενός υπολογιστικού πλαισίου (EV-ASTRA module) για τη συστηματική χαρτογράφηση της σχέσης μεταξύ εξωσωμάτων και μοριακών αποκρίσεων στο στρες σε διαφορετικά ανθρώπινα βιορευστά.

Πληροφορίες: antgian@mbg.duth.gr