

**ΣΥΝΔΥΑΣΜΕΝΗ ΠΡΟΣΕΓΓΙΣΗ –ΟΜΙΚΩΝ ΤΕΧΝΟΛΟΓΙΩΝ
ΚΑΙ ΒΙΟΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ ΓΙΑ ΤΗ ΔΗΜΙΟΥΡΓΙΑ ΤΟΥ ΑΤΛΑΝΤΑ ΤΩΝ
ΕΛΛΗΝΙΚΩΝ ΓΕΝΕΤΙΚΩΝ ΠΟΡΩΝ ΚΕΡΑΣΙΑΣ**



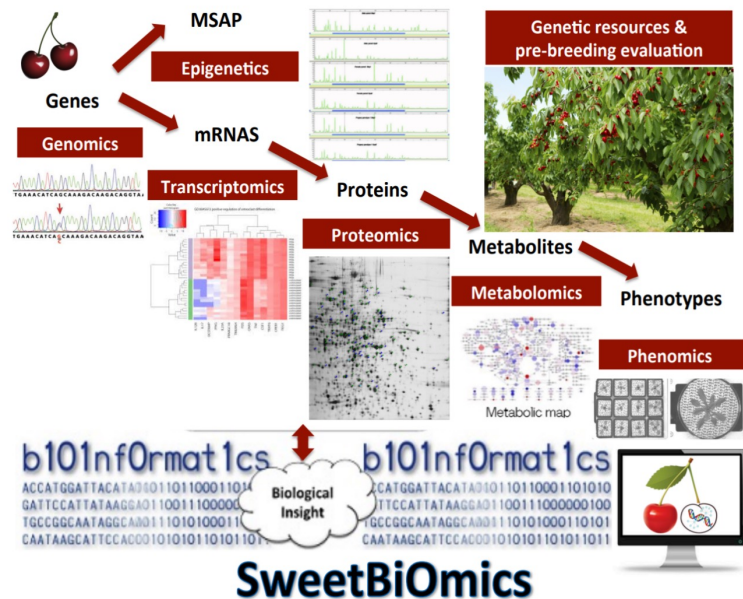
SweetBiOmics

**1η Προκήρυξη Ερευνητικών Έργων ΕΛΙΔΕΚ Ενίσχυσης Μεταδιδακτόρων
Κωδικός Έργου: 148**

Επιστημονικά Υπεύθυνη: Δρ. Ξανθοπούλου Αλίκη

Το έργο SweetBiOmics στοχεύει:

- Στη δημιουργία γονιδιωματικών, επιγενετικών, μεταγραφομικών, πρωτεομικών, μεταβολομικών και φαινοτυπικών δεδομένων με τη χρήση προηγμένων στατιστικών και βιοπληροφορικών προσεγγίσεων με κεντρικό σκοπό την ανάλυση του συνόλου του γενετικού υλικού του ελληνικού καλλιεργούμενου κερασιού.
- Στην εφαρμογή μιας ολοκληρωμένης συγκριτικής ανάλυσης των φυσιολογικών χαρακτηριστικών του καρπού (ποιότητα) σε συνδυασμό με την ανάλυση του φαινοτύπου, του μεταγραφήματος και του μεταβολόμικου προφίλ ώστε να δημιουργηθούν συστήματα ευρύτερης αξιοποίησης των γενετικών πόρων της κερασιάς στην Ελλάδα.
- Στην ανάπτυξη μιας **βάσης δεδομένων αναφοράς** για την καλλιεργούμενη κερασιά (Proteogenomic Άτλας) ώστε να προσδιοριστεί το προφίλ της γονιδιακής έκφρασης και των πρωτεϊνών σε μια ποικιλία ιστών.



Αξιολόγηση φαινοτυπικών χαρακτηριστικών νέων υβριδίων κερασιών (*Prunus avium* L.)

Η παρούσα μελέτη εστιάζει στην ανάπτυξη νέων υβριδίων με βελτιωμένα χαρακτηριστικά όπως η παραγωγικότητα, το μέγεθος των καρπών, τα οργανοληπτικά χαρακτηριστικά και η αυτοσυμβατότητα. Για το σκοπό αυτό διασταυρώθηκαν τριάντα διαφορετικές ποικιλίες και παρήγαγαν υβρίδια που αξιολογήθηκαν. Η βέλτιστη υβριδική ομαδοποίηση επιτεύχθηκε όταν στην ανάλυση συμπεριλήφθηκαν χαρακτηριστικά μεγάλης οικονομικής σημασίας όπως το σχήμα και το μέγεθος των καρπών, η ανάπτυξη και οι ημέρες μέχρι την ανθοφορία. Με βάση τα αποτελέσματα αναπτύχθηκαν νέα υβρίδια κερασιάς με τον ιδιαίτερο χαρακτήρα της αυτοσυμβατότητας. Τα ευρήματά αυτά παρέχουν σημαντικές πληροφορίες που θα αξιοποιηθούν σε μελλοντικά προγράμματα βελτίωσης και

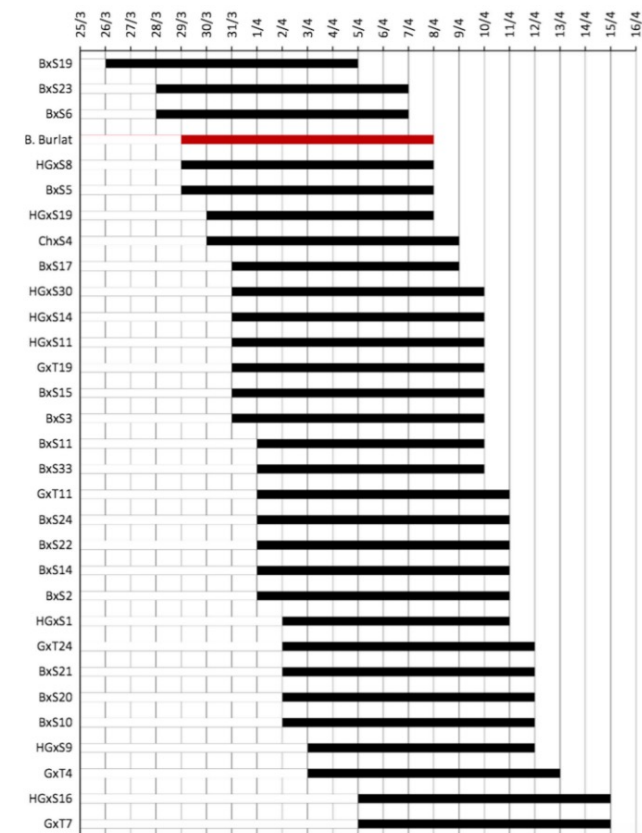


Fig. 2 Different stages of blooming time in 30 sweet cherry hybrids analyzed

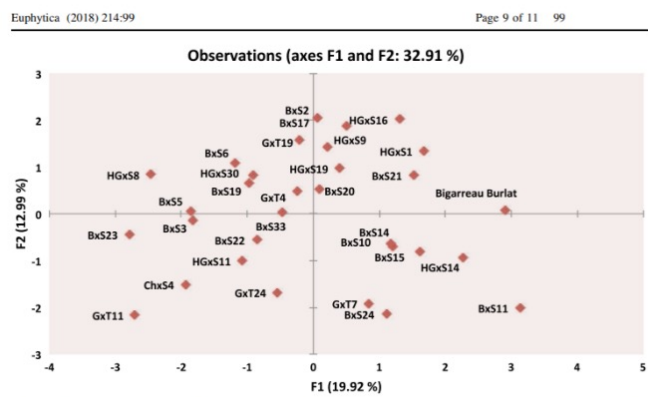


Fig. 4 Two-dimensional PCA plot of the 30 sweet cherry hybrids with regard to the first two principal components according to qualitative data analyzed. Variability explained: F1 (19.92%), F2 (12.99%)

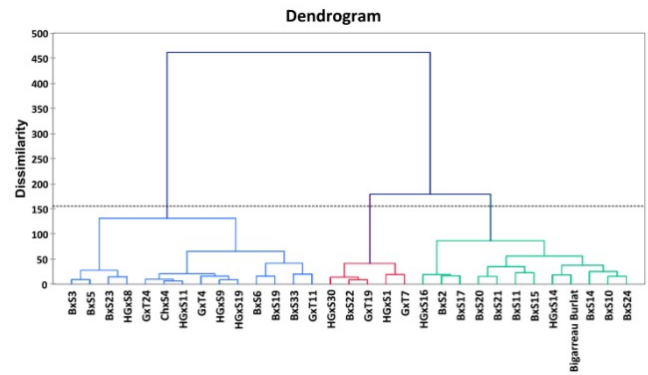
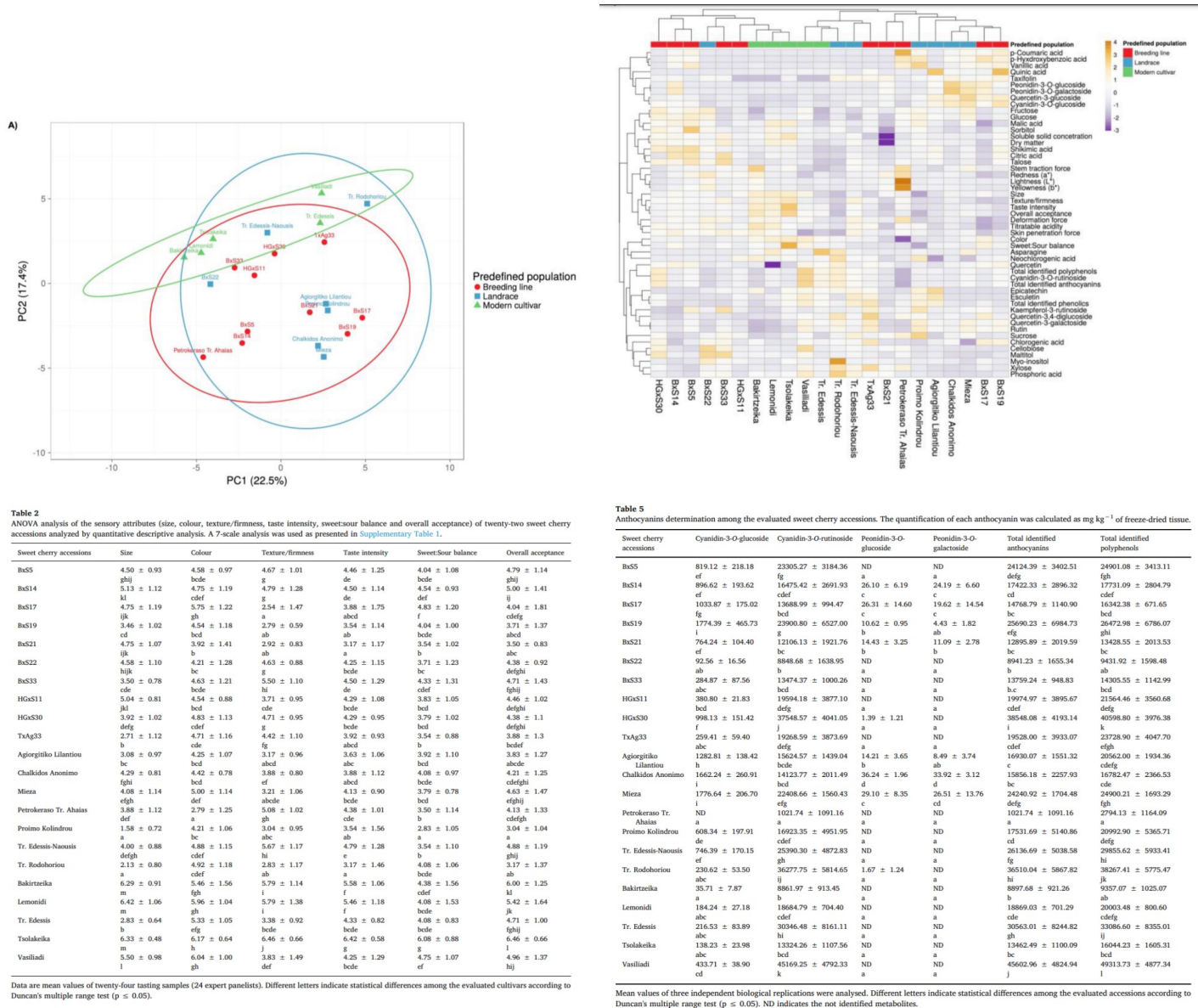


Fig. 5 Dendrogram using agglomerative hierarchical clustering (AHC) for 30 sweet cherry hybrids based on 22 quantitative and 12 qualitative traits

Αποτύπωση των χαρακτηριστικών ποιότητας και του μεταβολικού προφίλ κερασιών στην Ελλάδα

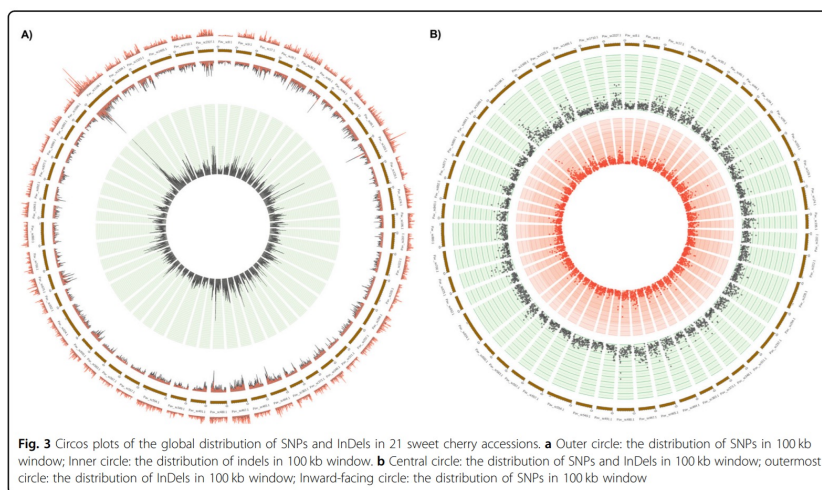
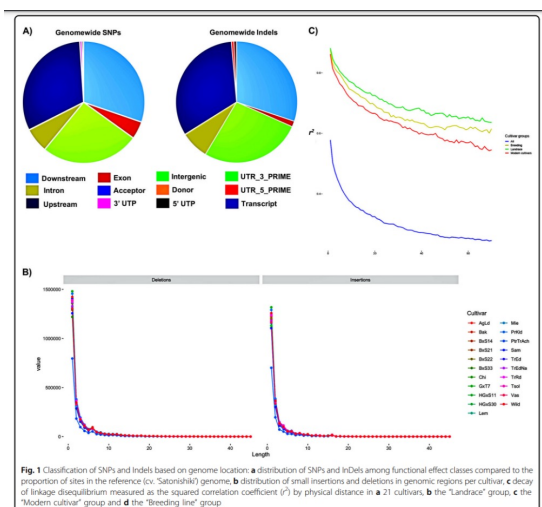
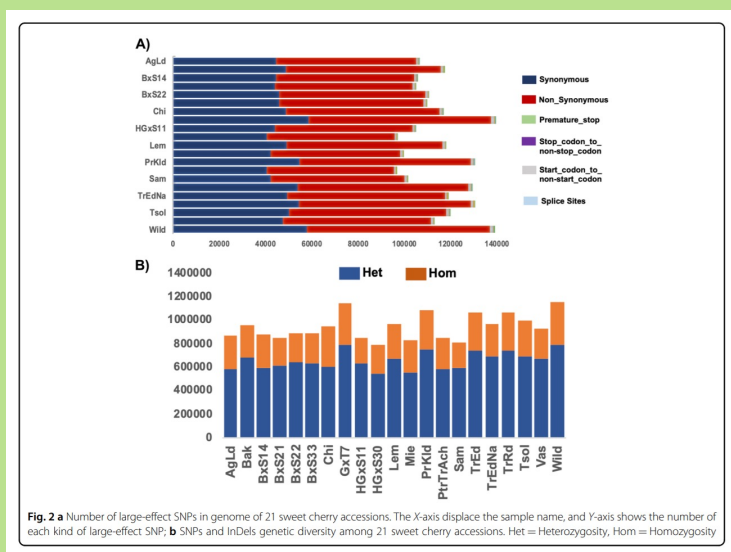
Το παρακάτω άρθρο περιλαμβάνει τον χαρακτηρισμό των φυσικοχημικών, αισθητηριακών και βιοενεργών χαρακτηριστικών είκοσι δύο ποικιλιών κερασιών. Όλοι οι γενότυποι ήταν πλούσιοι σε πολυφαινόλες, κυρίως σε κερκετίνη-3,4-Ο-διγλυκοσίδα, εσκουλετίνη, ρουτίνη και νεοχλωρογενικό οξύ. Επίσης, οι γενότυποι διακρίθηκαν με βάση την περιεκτικότητα σε ανθοκυανίνες και την περιεκτικότητα σε γλυκοζίδια κυανιδίνης-3-Ο-ρουτινοσίδης και πεονιδίνης. Συνολικά, οι ποικιλίες «Τσολακέικα» και «Μπακιρτζέικα» παρουσίασαν την υψηλότερη αποδοχή από τον καταναλωτή, ενώ οι ποικιλίες «Βασιλειάδη» και «Τραγανά Έδεσης-Ναούσης» και η σειρά αναπαραγωγής «ΤxAg33» περιείχαν υψηλά επίπεδα πολυφαινολικών ουσιών.



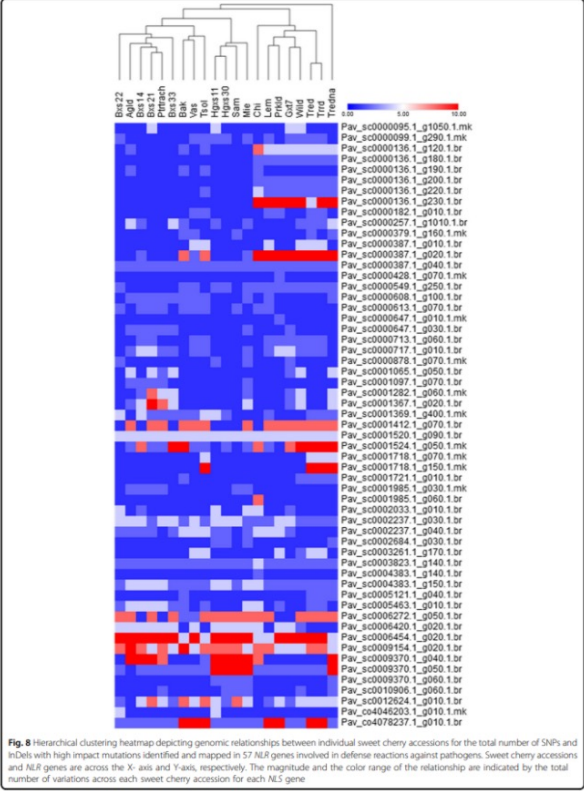
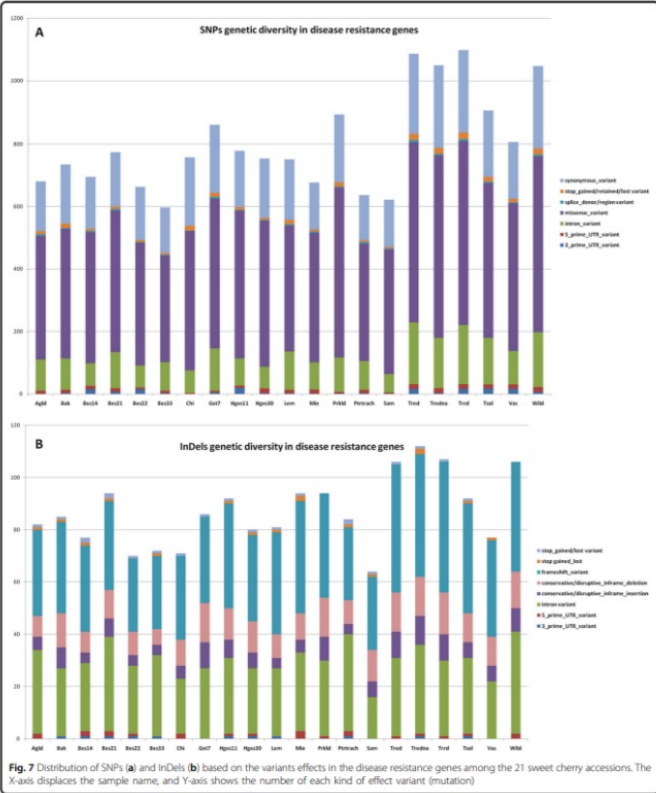
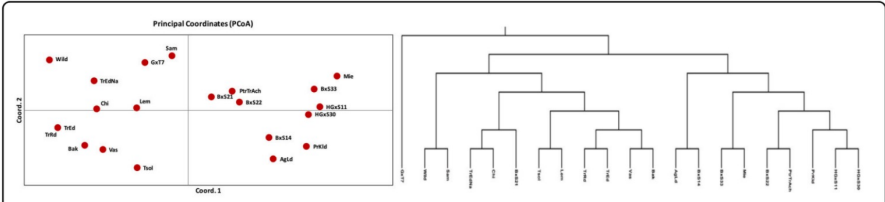
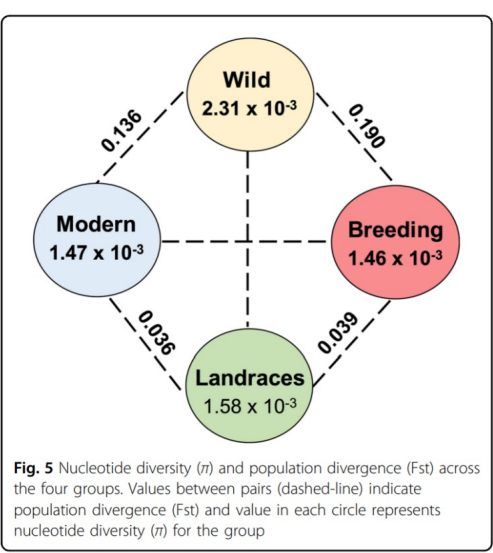
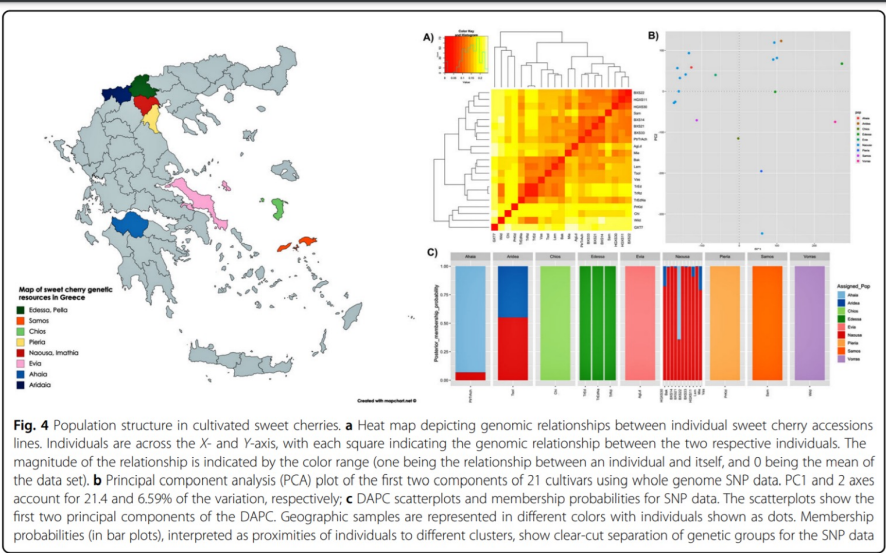
Επαναπροσδιορισμός της αλληλουχίας ολόκληρου του γονιδιώματος της κερασιάς (*Prunus avium* L.)

Ο καρπός της κερασιάς είναι πολύ σημαντικός για την ανθρώπινη υγεία λόγω των θρεπτικών και ευεργετικών για ιδιοτήτων του. Οι ποικιλίες κερασιάς παρουσιάζουν ένα ευρύ φάσμα φαινοτυπικής ποικιλότητας σε σημαντικά αγρονομικά χαρακτηριστικά, όπως ο χρόνος ανθοφορίας και οι αντιδράσεις έναντι των παθογόνων. Στην παρούσα μελέτη, χρησιμοποιήθηκε η αλληλουχία ολόκληρου του γονιδιώματος (WGRS) για τον χαρακτηρισμό της γενετικής ποικιλότητας, της δομής του πληθυσμού και των παραλλαγών σε μια ομάδα 20 γενότυπων κερασιάς και ενός γενότυπου άγριας κερασιάς. Οι 21 γενότυποι αλληλουχήθηκαν χρησιμοποιώντας ως βάση τη γονιδιωματική αλληλουχία αναφοράς της ποικιλίας «Satonishiki». Η διακριτική ανάλυση DAPC με τη χρήση των δεικτών SNPs αποκάλυψε δύο ομάδες γενότυπων.

Τα αποτελέσματα αυτά αποτελούν τα θεμέλια για περαιτέρω μεγάλης κλίμακας χαρακτηρισμό των γενότυπων της κερασιάς επιτρέποντας στις ποικιλίες διάφορες παραλλαγές γενότυπων και αλληλόμορφων ώστε να ρυθμίσουν με ακρίβεια τον χρόνο ανθοφορίας και ωρίμανσης καθώς και την αντοχή σε ασθένειες.



Επαναπροσδιορισμός της αλληλουχίας ολόκληρου του γονιδιώματος της κερασιάς (*Prunus avium* L.)



Φαινοτυπική, γενετική και επιγενετική ανάλυση μεταξύ διαφορετικών γονιδιακών δεξαμενών στην κερασιά

Το γονιδίωμα της κερασιάς περιέχει μεγάλη ποικιλία φαινοτύπων όσο αφορά το μέγεθος και το σχήμα των καρπών, καθώς και την περιεκτικότητα σε σάκχαρα κ.λ.π. Η υψηλή φαινοτυπική διακύμανση μπορεί να είναι αποτέλεσμα γενετικής ή επιγενετικής ποικιλότητας. Πρόσφατες μελέτες έχουν αποδείξει ότι εκτός από την αλληλουχική παραλλαγή, η επιαλληλουχική παραλλαγή μπορεί να δημιουργήσει νέους κληρονομήσιμους φαινοτύπους. Στην παρούσα μελέτη πραγματοποιήθηκε γενετική και επιγενετική αξιολόγηση (χρησιμοποιώντας τους δείκτες AFLP και MSAP αντίστοιχα), συνοδευόμενες από ανάλυση συσχέτισης φαινοτυπικών χαρακτηριστικών με τα γονίδια της κερασιάς. Η μέση γενετική ποικιλότητα ήταν μεγαλύτερη από την επιγενετική ποικιλότητα ενώ δεν βρέθηκε σημαντική σχέση μεταξύ γενετικής και επιγενετικής. Επιπλέον, σύμφωνα με τις αναλύσεις συσχέτισης, βρέθηκε ότι η επιγενετική ποικιλότητα σε προκαθορισμένους πληθυσμούς κερασιών είχε ισχυρότερο αντίκτυπο στα φαινοτυπικά χαρακτηριστικά σε σύγκριση με την γενετική ποικιλότητα.

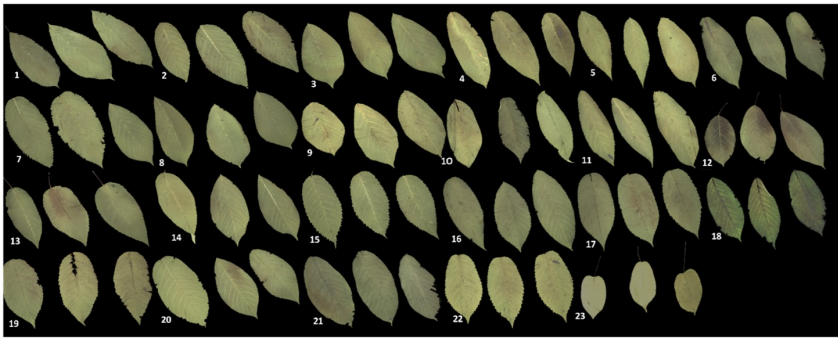


Figure 1. Images acquired from representative sweet cherry accessions (3 leaves per accession) at the mature leaf stage. Numbers 1–23 indicate the names of accession: (1) Bakirtzeika, (2) BxS5, (3) BxS14, (4) BxS17, (5) BxS19, (6) BxS21, (7) BxS22, (8) BxS33, (9) Chalkidos Anonimo, (10) Chiou, (11) HGXS11, (12) Lemonidi, (13) Mieza, (14) Petrokeraso Tragano Achaïas, (15) Proimo Kolindrou, (16) Tragana Edessis-Naousis, (17) Tragana Edessis, (18) Tragana Rodohoriou, (19) Tsolakeika, (20) Vasiliadi, (21) TrXAg1, (22) Wild cherry, (23) *Prunus mahaleb*.

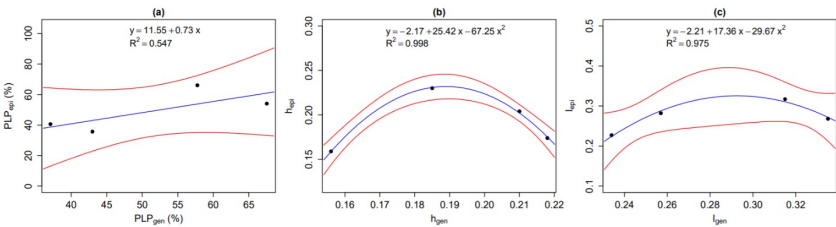


Figure 3. Relationships between intra-population genetic diversity and epigenetic diversity ($n = 4$). The dots represent the observed mean values per population, the blue lines represent the model fit, and the red lines correspond to the lower and upper limits of the 90% confidence intervals. The fitted model and the corresponding R^2 are also displayed (a–c).

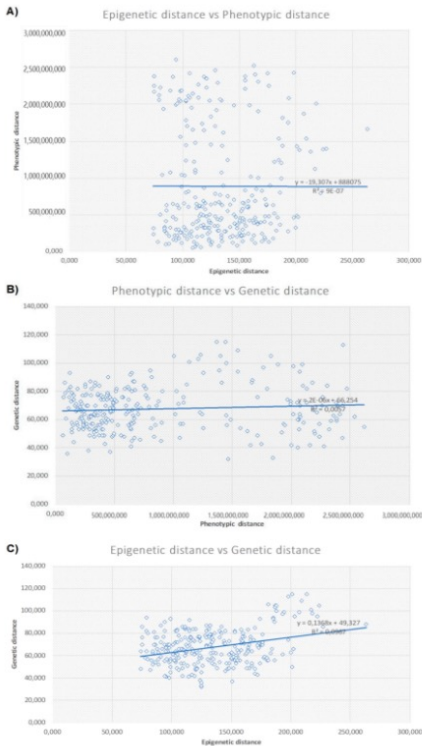
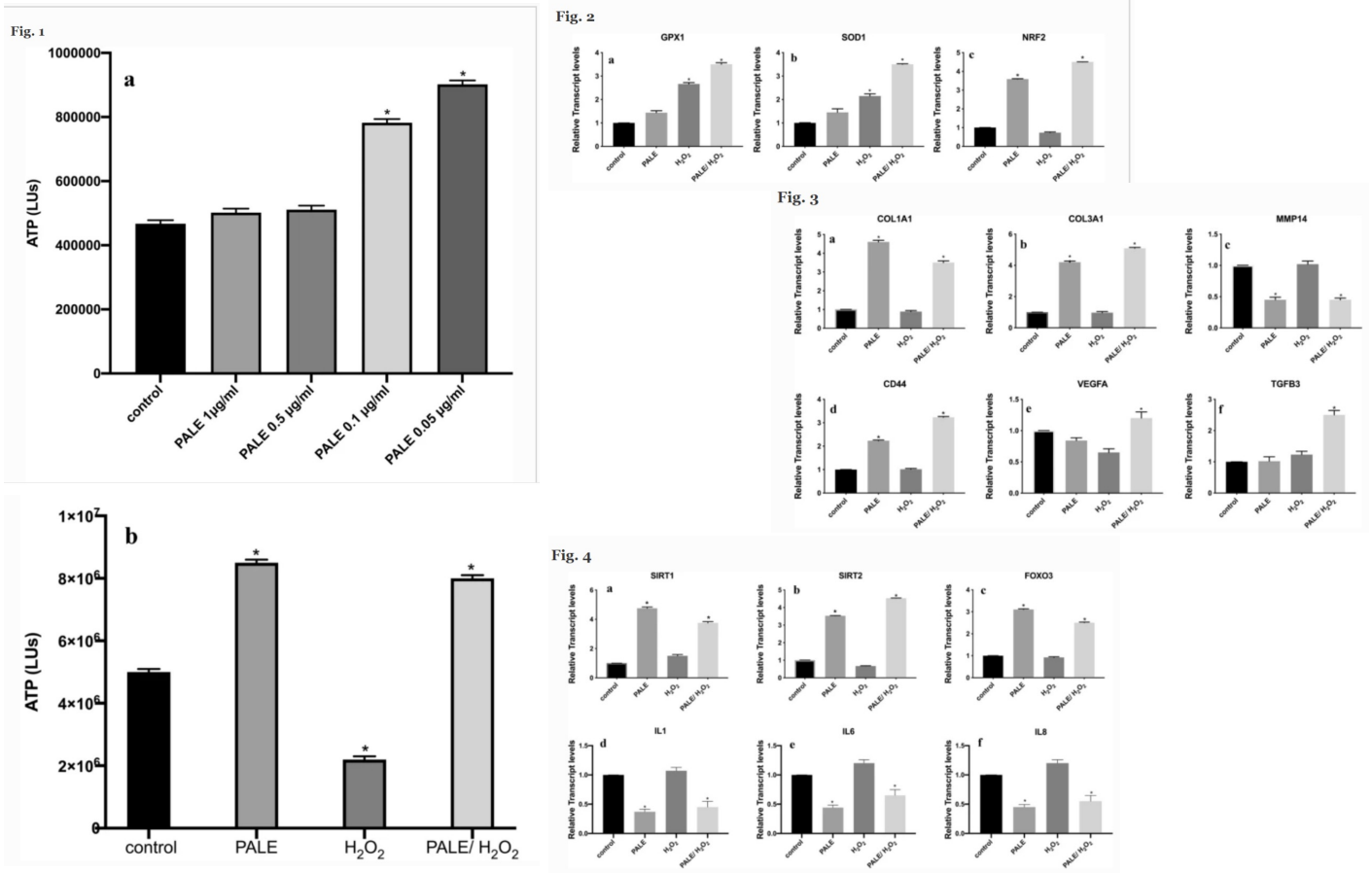


Figure 6. Mantel test for the correlation (A) between inter-population epigenetic and phenotypic differentiation, (B) between inter-population genetic distance and phenotypic differentiation, and (C) between inter-population epigenetic and genetic differentiation.

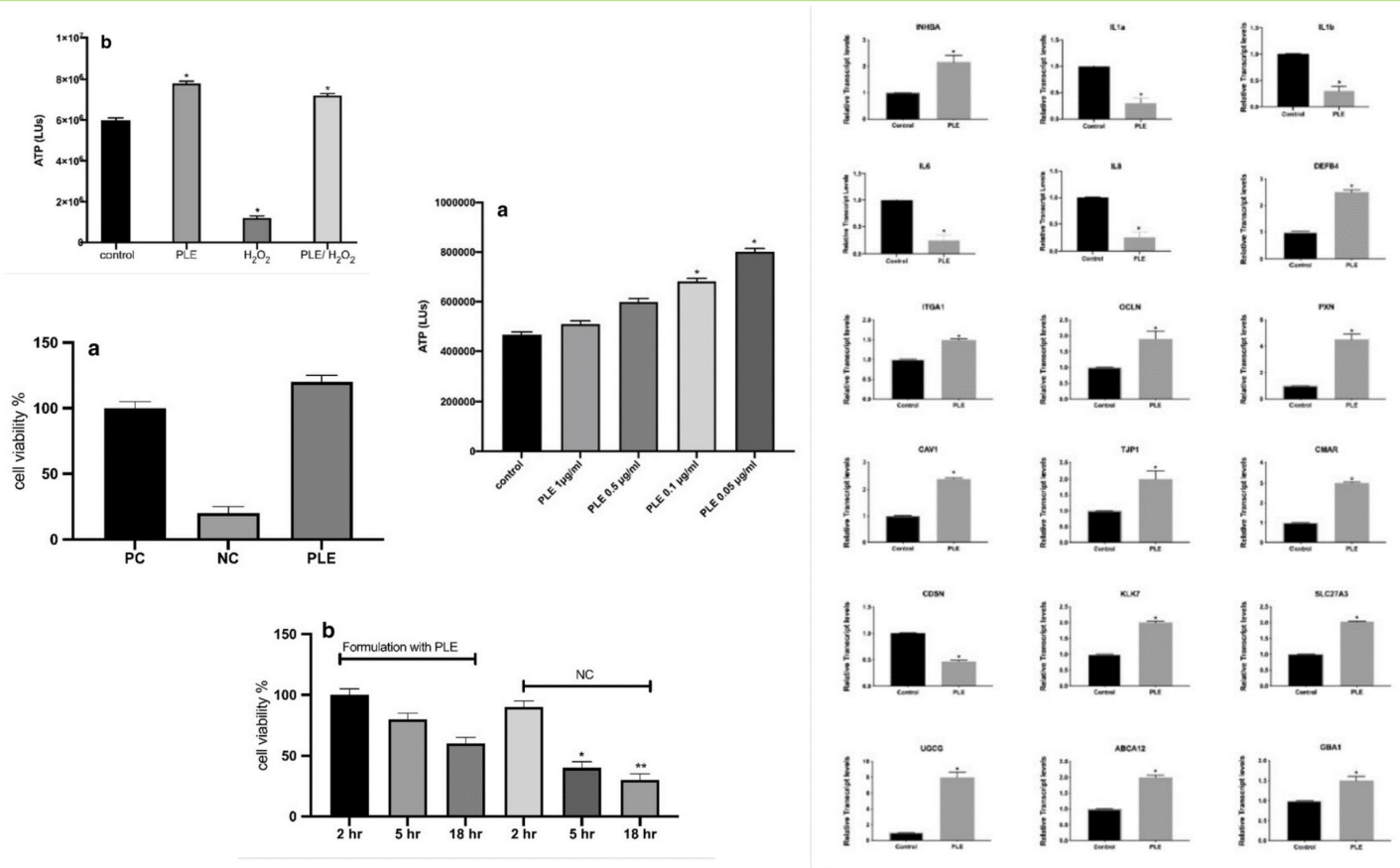
Οι επιδράσεις των εκχυλισμάτων κερασιάς έναντι του οξειδωτικού στρες στους ανθρώπινους ινοβλαστούς.

Τα τελευταία χρόνια έχει παρατηρηθεί ένα έντονο ενδιαφέρον για καινοτόμα και πολυλειτουργικά συστατικά στην έρευνα. Οι φυσικές πηγές κατέχουν σημαντικό ρόλο λόγω των πολλαπλών ωφελημάτων τους. Η παρούσα μελέτη στοχεύει στην παρουσίαση των πλειοτροπικών δράσεων των εκχυλισμάτων κερασιάς, στους ανθρώπινους πρωτογενείς ινοβλαστούς. Η ανάλυση επικεντρώθηκε στην αξιολόγηση ασφάλειας και αποτελεσματικότητας που βασίζεται στην ανάλυση κυτταροτοξικότητας και γονιδιακής έκφρασης υπό οξειδωτικό στρες. Συγκεκριμένα, το εκχύλισμα κερασιάς αποδείχθηκε μη κυτταροτοξικό στους ανθρώπινους ινοβλαστούς. Η ανάλυση γονιδιακής έκφρασης αποκάλυψε ότι το εκχύλισμα κερασιάς έχει *in vitro* προστατευτικές ιδιότητες στους ανθρώπινους δερματικούς ινοβλαστούς υπό οξειδωτικό στρες που σχετίζονται με την αντιοξειδωτική δράση, την αντιφλεγμονώδη απόκριση, τον πολλαπλασιασμό των κυττάρων καθώς και τη γήρανση των κυττάρων. Για πρώτη φορά αποδεικνύεται ότι το εκχύλισμα κερασιάς αποτελεί ένα πολυλειτουργικό συστατικό καθώς μεσολαβεί σε αρκετές *in vitro* διαδικασίες, υπογραμμίζοντας τη δυνατότητά του να χρησιμοποιηθεί ως ενεργό συστατικό σε προϊόντα περιποίησης δέρματος.



Ανίχνευση των επιπτώσεων του εκχυλίσματος κερασιάς στο ανθρώπινο δέρμα

Ο στόχος αυτής της μελέτης ήταν να αξιολογηθούν οι επιδράσεις του εκχυλίσματος κερασιάς της ποικιλίας «Βασιλειάδη» σε ανθρώπινα μοντέλα *in vitro* προκειμένου να διερευνηθεί η πιθανή επίδρασή του στο δέρμα. Η παρούσα μελέτη εστίασε στη δισδιάστατη καλλιέργεια πρωτογενών φυσιολογικών ανθρώπινων επιδερμικών κερατινοκυττάρων (NHEK) που υποβλήθηκαν σε επεξεργασία με εκχύλισμα κερασιάς. Αρχικά, μελετήθηκε η πιθανή κυτταροτοξικότητα του εκχυλίσματος προσδιορίζοντας τα ενδοκυτταρικά επίπεδα ATP. Επιπλέον, αξιολογήθηκε η πιθανή ευερεθιστότητά του στο δέρμα χρησιμοποιώντας τρισδιάστατο μοντέλο δέρματος. Για να κατανοηθεί καλύτερα η βιοδραστικότητα του καρπού, χρησιμοποιήθηκε η ανάλυση qPCR ώστε να μελετηθεί η έκφραση διαφόρων γονιδίων που εμπλέκονται στις λειτουργίες του δέρματος. Τα πειράματά που πραγματοποιήθηκαν έδειξαν ότι το εκχύλισμα κερασιάς είναι μη τοξικό σε καλλιέργεια δισδιάστατων κερατινοκυττάρων καθώς και μη ερεθιστικό σε τρισδιάστατο μοντέλο δέρματος. Τέλος παρατηρήθηκε ότι το εκχύλισμα ενεργοποίησε σημαντικά μονοπάτια για τη βέλτιστη λειτουργία της επιδερμίδας, όπως ο πολλαπλασιασμός των κυττάρων, η ανοσολογική και η φλεγμονώδης απόκριση.



Δημιουργία του άτλαντα πρωτεϊνών και γονιδίων διαφορετικών ιστών της κερασιάς

Η ανάλυση σε επίπεδο γονιδιώματος παρέχει πληροφορίες σχετικά με τη βιολογία των φυτών. Η κατανόησή της στοιχειομετρίας του συμπλέγματος γονιδίου-πρωτεΐνης είναι σε μεγάλο βαθμό άγνωστη στα φυτά. Η πολυπλοκότητα του πρωτεώματος έχει ωθήσει την ερευνητική κοινότητα σε μια πρωτεογονιδιωματική προσέγγιση των αναλύσεων. Στην παρούσα μελέτη δημιουργήθηκε ένας ποσοτικός άτλαντας πρωτεϊνών και γονιδίων 15 κύριων ιστών της ποικιλίας κερασιάς «Τραγανά Εδέσσης» που αποτελείται από 29.247 γονίδια και 7584 πρωτεΐνες. Η πρωτεογονιδιωματική ανάλυση αποκάλυψε διαφορές μεταξύ των γονιδίων και πρωτεϊνών, σε γονίδια που κωδικοποιούν μεταγραφικούς παράγοντες καθώς και αλλεργιογόνα, εντός και μεταξύ των διαφορετικών ιστών. Επιπλέον, εντοπίστηκαν πιθανοί ρυθμιστές της ανάπτυξης των καρπών, ιδίως γονίδια που εμπλέκονται στη βιοσύνθεση των ανθοκυανινών και των φλαβονοειδών. Επίσης, παρατηρήθηκε συμμετοχή της σηματοδότησης του αιθυλενίου και της αποικοδόμησης της πηκτίνης στην ωρίμανση των καρπών του κερασιού. Ομάδες γονιδίων και πρωτεϊνών με παρόμοιες και διαφορετικές τάσεις έκφρασης και καταστολής σε διάφορους ιστούς και αναπτυξιακά στάδια αποκάλυψαν μια σχετικά χαμηλή συσχέτιση αφθονίας γονιδίων/πρωτεϊνών. Η παρούσα πρωτεογονιδιωματική ανάλυση επέτρεψε την αναγνώριση 17 νέων πρωτεϊνών κερασιάς που δεν έχουν κατατεθεί στις τρέχουσες διαθέσιμες βάσεις δεδομένων. Με στόχο τη διάχυση του άτλαντα στην επιστημονική κοινότητα αναπτύχθηκε η βάση δεδομένων Sweet Cherry Atlas (<https://grcherrydb.com/>). Η παρούσα εργασία αποτελεί μια πλούσια πηγή γνώσης για μελλοντική διερεύνηση των γονιδίων και πρωτεϊνών του είδους *Prunus*.

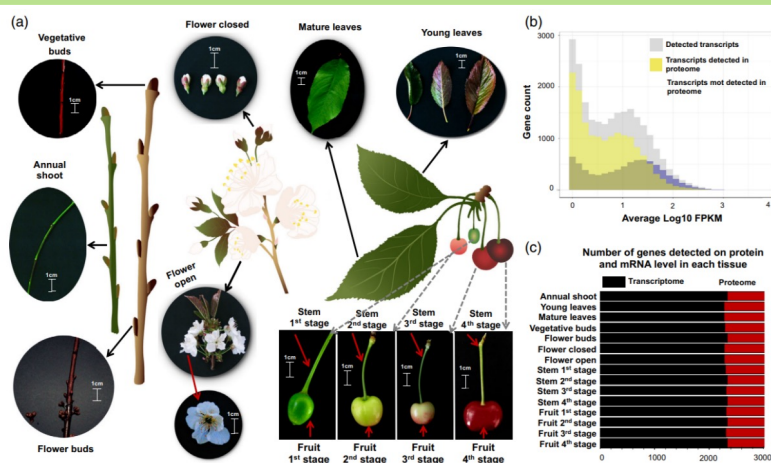


Figure 1. (a) Sweet cherry (cv. 'Tragana Edessisi') tissue samples used for proteogenomics analysis. A cartoon illustrating 15 sweet cherry tissues used for RNA-seq and proteomic analyses, including dormant bud, flower bud, fruit in four developmental stages (FS1-FS4), stem in four developmental stages (SS1-SS4), young leaf, mature leaf, first-year shoot, first blossom, and flower. (b) Abundance distribution of all transcripts detected in all tissues (gray); the fraction of transcripts for which proteins were detected is shown in blue and the fraction of transcripts for which no protein was detected is shown in orange. (c) Number of genes detected at the protein and mRNA levels in each tissue. The coloring of the bars indicates the fractions of transcripts and proteins that are expressed everywhere or enriched in certain tissues.

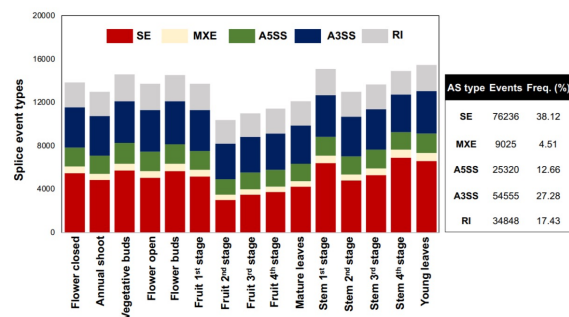


Figure 3. Overall characteristics of alternative splicing (AS) events. The proportions for the five types of dinucleotides at the splicing border per sweet cherry tissue. Number and frequency of the different AS types: SE, exon skipping; A3SS, alternative 3' splice site; A5SS, alternative 5' splice site; MXE, exon skipping; RI, intron retention.

Δημιουργία του άτλαντα πρωτεϊνών και γονιδίων διαφορετικών ιστών της κερασιάς

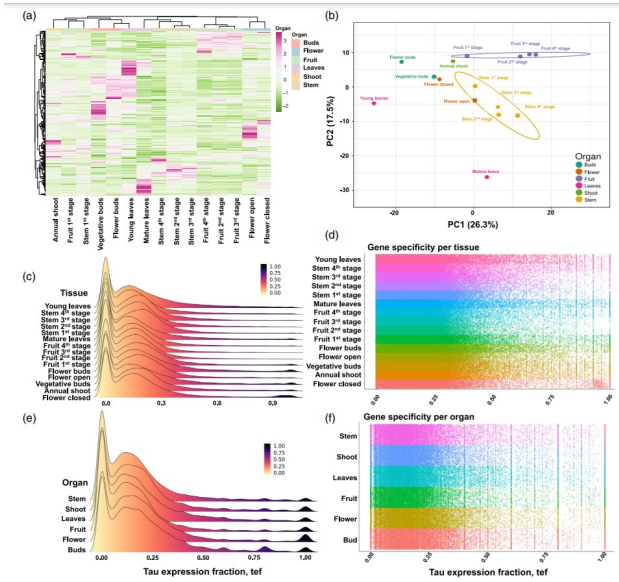


Figure 2. Global gene expression patterns among different sweet cherry tissues. (a) Heatmap of hierarchical clustering for all 15 tissues included in the gene expression atlas. Genes with a normalized expression level of FPKM > 1 in at least one of the 15 tissues analyzed were log₂-transformed before analysis and were designated as expressed. The color scale indicates the degree of correlation. (b) Principal component analysis of transcriptomic data. Samples are plotted according to their distribution on the first two principal components (PC1 and PC2) and are colored according to tissue. The specificity of each gene for each (c) tissue and (d) organ is calculated using the tau expression fraction (tef). (e) Tissue and (f) organ specificity was scored per gene using the tau score. Genes with $\tau = 1$ were considered as tissue-specific.

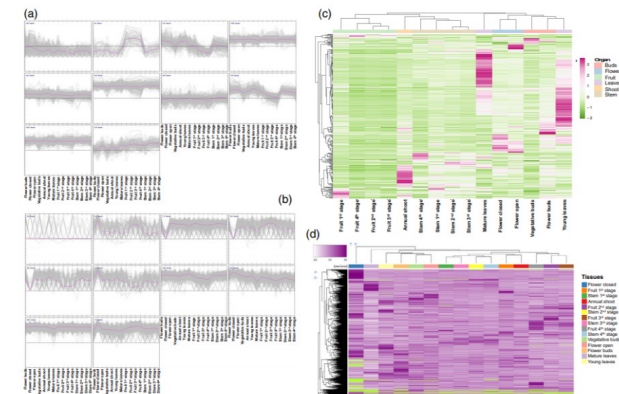


Figure 5. K-means clustering (KMC) of (a) all differentially expressed genes (DEGs) and (b) all differentially expressed proteins (DEPs) to study clusters of genes and proteins with similar expression and suppression trends, respectively, across different developmental stages. The KMC results as well as the respective functional annotation analysis data are available in (Tables S15-S17). (c) and (d) Heatmaps of functional annotation enrichment analyses for the KMC results of the common transcriptomic and proteomic data, respectively.

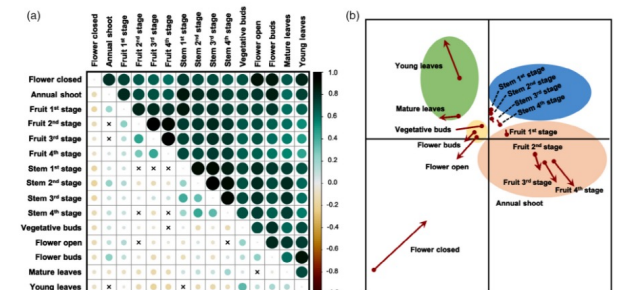


Figure 7. Global correlation analysis of protein and transcript levels. (a) Correlation analysis (Spearman coefficient of proteomes versus transcriptomes (lower triangular matrix) and transcriptomes versus transcriptomes (upper triangular matrix) across all tissues. The main diagonal remains blank. The magnitude of the correlation is depicted in both the color and size of the spheres. Correlations were not statistically significant at the 0.05 level are marked with an 'x'. (b) Co-inertia analysis of proteome and transcriptome levels of all tissues (arrow base, proteome; arrowhead, transcriptome). Gray lines aid in identifying tissue names for the corresponding arrows. Shaded areas highlight tissues that are related by their molecular profiles.

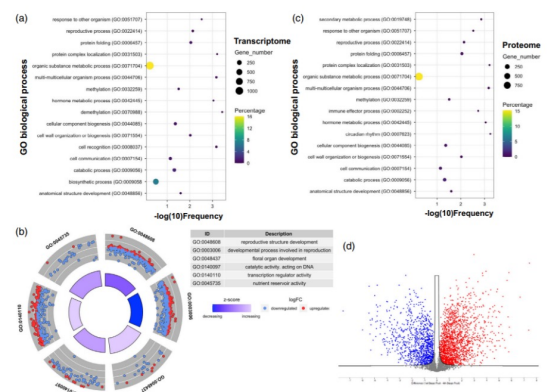


Figure 4. Pathway enrichment and Gene Ontology (GO) analyses of distinct fruit stages. (a) GO terms in the biological process category of the differentially expressed genes (DEGs) of F54 versus F51 with the top 16 enrichment scores. (b) Circos plot depicting up- and downregulation of GO terms in the transcriptome. (c) GO terms in the biological process category of the differentially expressed proteins (DRPs) of F54 versus F51 with the top 16 enrichment scores. (d) Volcano plot of F54 versus F51.

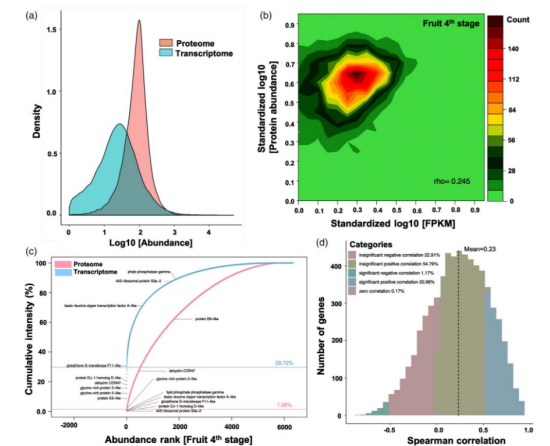


Figure 6. Distribution of protein abundance and transcript expression within and across tissues. (a) Distribution of global protein and transcript abundance in all 15 tissues (within the 6322 genes assessed, only values greater than or equal to 1 were considered). (b) Protein-to-mRNA abundance plot for F54. The standardized values (with reference to the maximum) of the log₂-transformed initial values were considered within the 6322 genes assessed, only cases with values greater than or equal to 1 at both protein and transcript levels were considered. Spearman's rho is also displayed. (c) Ranked abundance plot of proteins and transcripts in F54. The top 5 most abundant genes at protein and transcript levels are highlighted in both colors. The horizontal lines represent the cumulative intensity corresponding to the top 10 most abundant genes at protein and transcript levels (29.71 and 1.38%, respectively). (d) Distribution of Spearman correlation coefficients of protein-to-mRNA abundance across tissues. Significant/insignificant and positive/negative correlations are separately displayed.

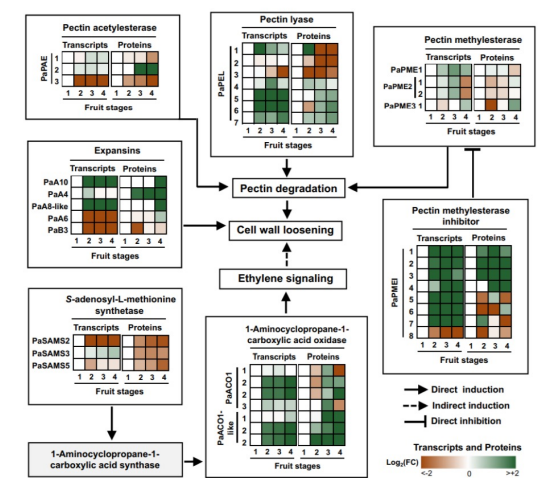
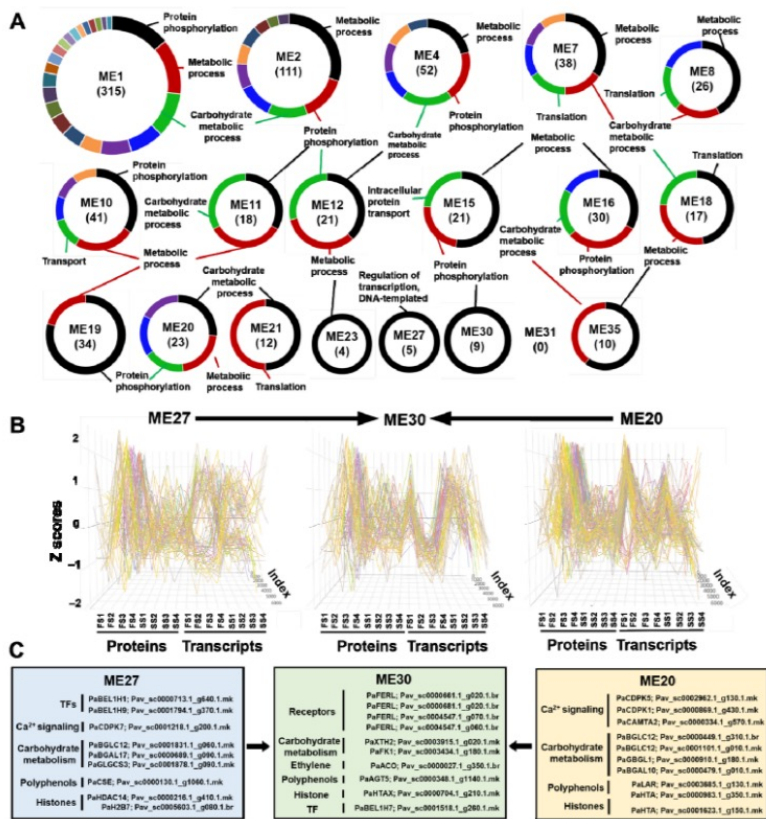
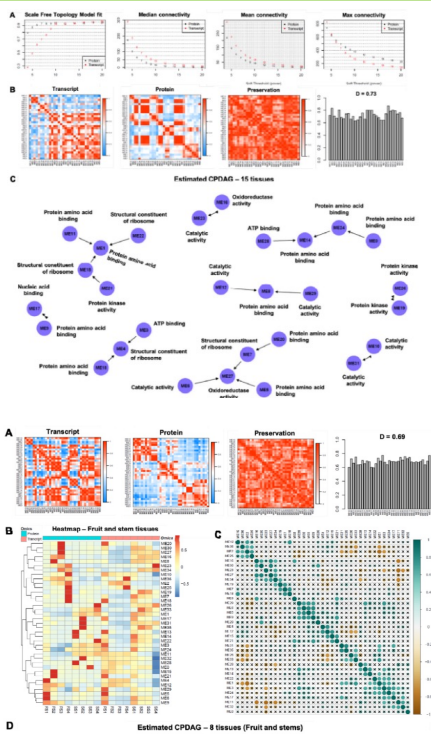


Figure 8. Post-genomic framework of cell wall loosening and ethylene signaling during fruit development and ripening. Heatmaps of the levels of transcripts and proteins that are expressed and depicted as fold change (FC) values during the four fruit stages (F51-F54) in relation to F51. Changes in the levels of both transcripts and proteins related to cell wall loosening (pectin acetylase, lyase, methylesterase, pectin methylesterase inhibitor, and expansins) and ethylene biosynthesis (S-adenosyl-L-methionine synthetase and 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid oxidase) are illustrated. A decrease in relative transcript or protein levels is indicated by orange color and an increase is indicated by green color. Transcript and protein levels are provided in Table S22.

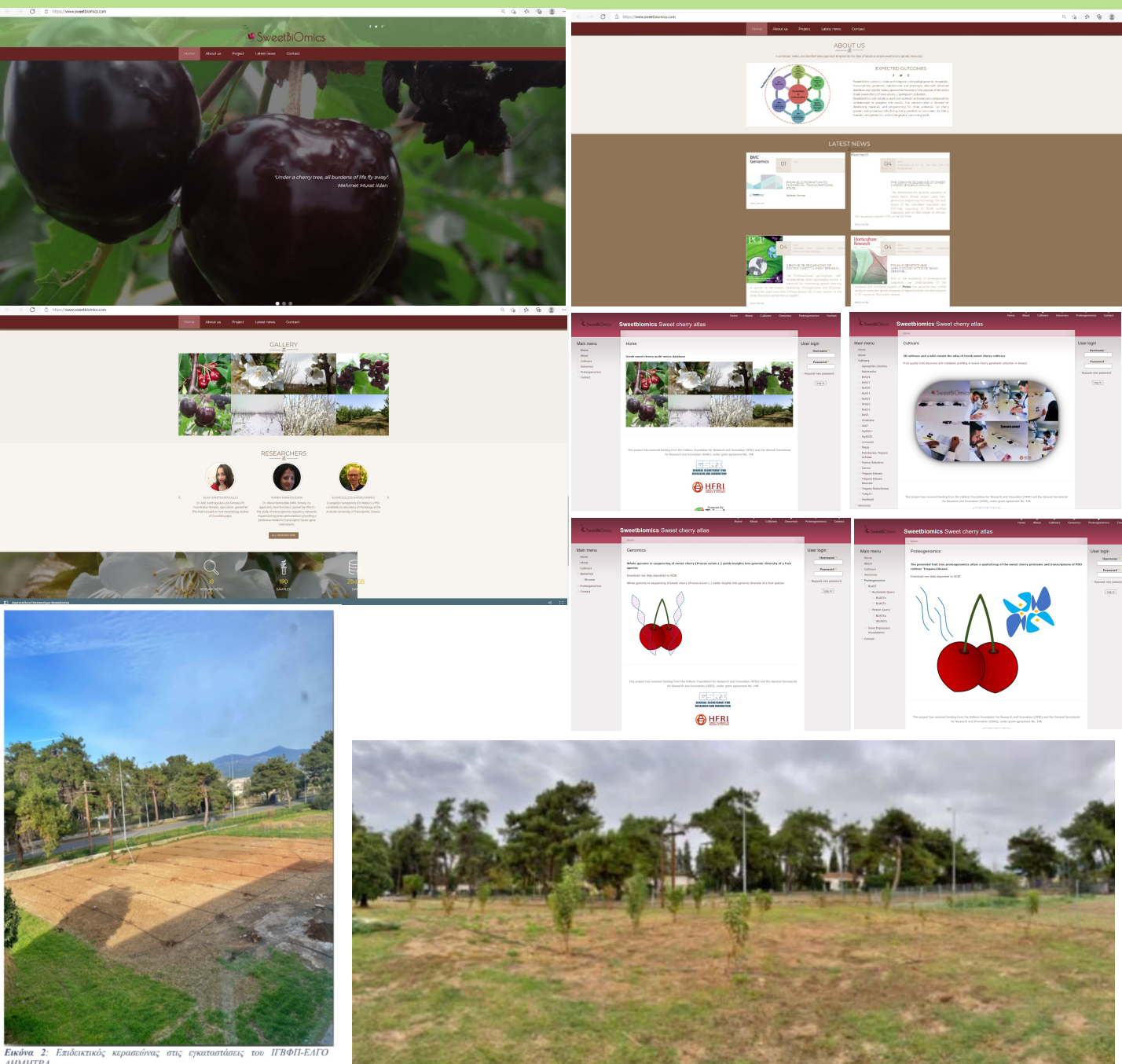
Βιοστατιστική ανάλυση πρωτεϊνών και γονιδίων ποικίλων ιστών κερασιάς

Η ανάλυση των μεταγραφών σε επίπεδο γονιδιώματος είναι μια μέθοδος που παράγει σημαντικά δεδομένα για τη βιολογία των φυτών σε συστημικό επίπεδο. Η έλλειψη κατανόησης των σχέσεων μεταξύ πρωτεϊνών και γονιδίων στα φυτά απαιτεί περαιτέρω ενδελεχή ανάλυση σε πρωτεογονιδιωματικό επίπεδο. Ο στόχος της παρούσας μελέτης ήταν να πραγματοποιηθεί μια στοχευμένη ανάλυση σε επίπεδο γονιδίου/πρωτεΐνης ώστε να αξιολογηθεί η δομή της σχέσης τους και οι πιθανές βιολογικές επιπτώσεις. Για τη ομαδοποίηση των ζευγών γονιδίου/πρωτεΐνης και την αποκάλυψη των σχέσεων αιτίου-αποτελέσματός τους, με στόχο την αξιολόγηση των σχετικών βιολογικών λειτουργιών χρησιμοποιήθηκαν η σταθμισμένη ανάλυση δικτύου συσχέτισης (correlation networks) και η αιτιακή μοντελοποίηση (causal models). Η παρούσα μελέτη αποτελεί την πρώτη φορά που χρησιμοποιείται αιτιώδης μοντελοποίηση σε πρωτεογονιδιωματικά δεδομένα στα φυτά. Η ανάλυση αποκάλυψε τη σύνθετη φύση των αιτιακών σχέσεων μεταξύ γονιδίων/πρωτεϊνών που σχετίζονται με χαρακτηριστικά ενδιαφέροντος στα πολυετή οπωροφόρα δέντρα. Η αιτιολογική ανάλυση θα μπορούσε να χρησιμοποιηθεί για την καλύτερη κατανόηση των σχέσεων γονιδίου/πρωτεΐνης, διεγείροντας τη βιολογική ερμηνεία και διευκολύνοντας την περαιτέρω μελέτη του πρωτεογονιδιωματικού άτλαντα στα φυτά.



Διάχυση αποτελεσμάτων

Για την διάχυση των αποτελεσμάτων δημιουργήθηκε η ιστοσελίδα (<https://www.sweetbiomics.com/>) και η βάση δεδομένων (www.grcherrydb.com). Επίσης εγκαταστάθηκε επιδεικτικός οπωρώνας με τις ποικιλίες κερασιάς με στόχο την περαιτέρω έρευνα και αξιολόγησή τους. Τα αποτελέσματα της παρούσας έρευνας κατέληξαν σε 8 δημοσιευμένες εργασίες σε διεθνή επιστημονικά περιοδικά με κριτές και 1 κεφάλαιο σε βιβλίο. Τέλος, πραγματοποιήθηκαν 2 γραπτές παρουσιάσεις σε εθνικά συνέδρια και 1 γραπτή παρουσίαση σε διεθνές συνέδριο.



Εικόνα 2: Επιδεικτικός κερασιώνας στις εγκαταστάσεις του ΠΒΦΠ-ΕΛΓΟ ΔΗΜΗΤΡΑ.

Το έργο χρηματοδοτείται από το Ελληνικό Ίδρυμα Έρευνας και Καινοτομίας (ΕΛΙΔΕΚ) και από τη Γενική Γραμματεία Έρευνας και Καινοτομίας (ΓΓΕΚ), με αρ. 148 Σύμβασης Έργου.

Διάχυση αποτελεσμάτων

Food Chemistry 342 (2021) 128315

Contents lists available at ScienceDirect

Food Chemistry

journal homepage: www.elsevier.com/locate/foodchem



Fruit quality trait discovery and metabolic profiling in sweet cherry genebank collection in Greece



Evangelos Karagiannis^a, Eirini Sarrou^a, Michail Michailidis^a, Georgia Tanou^a, Ioannis Ganopoulos^a, Christos Bazakos^a, Konstantinos Kazantzis^a, Stefan Martens^a, Aliko Xanthopoulos^{a,b,c}, Athanasios Molassiotis^{a,c}

Molecular Biology Reports (2021) 48:4441–4448
<https://doi.org/10.1007/s11033-021-06464-0>

ORIGINAL ARTICLE



The pleiotropic effects of *Prunus avium* L. extract against oxidative stress on human fibroblasts. An in vitro approach

Sophia Letsiou^a, Aggeliki Karamaouna^a, Ioannis Ganopoulos^a, Aliko Kapazoglou^a, Aliko Xanthopoulos^{1,2}, Eirini Sarrou^a, Georgia Tanou^a, Athanasios Molassiotis^a

Euphytica (2018) 214:99
<https://doi.org/10.1007/s10681-018-2179-2>



Towards sweet cherry (*Prunus avium* L.) breeding: phenotyping evaluation of newly developed hybrids

Ioannis Ganopoulos · Anna-Maria Farsakoglou · Filippos Aravanopoulos · Athanasios Molassiotis · Michail Michailidis · Ermioni Malliarou · Evangelia Avramidou · Athanasios Tsafaris · Maslin Oshanthanunkul · Panagiotis Madesis · Konstantinos Kazantzis · Aliko Xanthopoulos

the plant journal

S E B

The Plant Journal (2021)

doi: 10.1111/tpj.15612

RESOURCE

The perennial fruit tree proteogenomics atlas: a spatial map of the sweet cherry proteome and transcriptome

Aliko Xanthopoulos^{1,2,3,4}, Theodoros Moysiadis^{1,2,3}, Christos Bazakos^{2,4,5}, Evangelos Karagiannis¹, Ioanna Karamichali⁶, George Stamatakis⁷, Martina Samiotaki¹, Maria Manioudaki¹, Michail Michailidis¹, Panagiotis Madesis⁸, Ioannis Ganopoulos^{2,4}, Athanasios Molassiotis¹ and Georgia Tanou^{4,8,*}
¹Laboratory of Pomology, Department of Horticulture, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki-Thermi 57001, Greece,

Xanthopoulos et al. Horticulture Research (2020) 7:60
<https://doi.org/10.1038/s41438-020-0281-9>

Horticulture Research
www.nature.com/hortres

ARTICLE

Open Access

Whole genome re-sequencing of sweet cherry (*Prunus avium* L.) yields insights into genomic diversity of a fruit species

Aliko Xanthopoulos¹, Maria Manioudaki¹, Christos Bazakos², Christos Kissoudis³, Anna-Maria Farsakoglou⁴, Evangelos Karagiannis¹, Michail Michailidis¹, Chrysanthi Polychroniadou¹, Antonios Zambounis⁵, Konstantinos Kazantzis⁵, Athanasios Tsafaris⁵, Panagiotis Madesis⁵, Filippos Aravanopoulos⁴, Athanasios Molassiotis⁵ and Ioannis Ganopoulos⁵

Molecular Biology Reports
<https://doi.org/10.1007/s11033-021-07076-4>

ORIGINAL ARTICLE



Probing the effects of sweet cherry (*Prunus avium* L.) extract on 2D and 3D human skin models

Sophia Letsiou¹, Ioannis Ganopoulos¹, Aliko Kapazoglou², Aliko Xanthopoulos^{1,3}, Eirini Sarrou², Georgia Tanou^{4,5}, Athanasios Molassiotis¹

agronomy



Article

Phenotypic, Genetic, and Epigenetic Variation among Diverse Sweet Cherry Gene Pools

Evangelia V. Avramidou^{1,2}, Theodoros Moysiadis^{2,3,4}, Ioannis Ganopoulos^{3,5}, Michail Michailidis^{4,6}, Christos Kissoudis⁵, Dimitrios Valasiadis^{4,6}, Konstantinos Kazantzis⁵, Eirini Tsaroucha⁶, Athanasios Tsafaris⁵, Athanasios Molassiotis⁴, Filippos A. Aravanopoulos^{7,8} and Aliko Xanthopoulos^{3,4,*}

cells



Article

Could Causal Discovery in Proteogenomics Assist in Understanding Gene–Protein Relations? A Perennial Fruit Tree Case Study Using Sweet Cherry as a Model

Maria Ganopoulou^{1,*}, Michail Michailidis^{2,3}, Leferis Angelis¹, Ioannis Ganopoulos^{3,4}, Athanasios Molassiotis², Aliko Xanthopoulos^{2,3} and Theodoros Moysiadis^{3,4,*}

Chapter 10
Genomics Opportunities and Breeding Strategies Towards Improvement of Climate-Smart Traits and Disease Resistance Against Pathogens in Sweet Cherry

Antonios Zambounis, Ioannis Ganopoulos, Filippos Aravanopoulos, Zoe Hilioti, Panagiotis Madesis, Athanasios Molassiotis, Athanasios Tsafaris and Aliko Xanthopoulos

Συμμετέχοντες φορείς



ΑΡΙΣΤΟΤΕΛΕΙΟ
ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ
ΘΕΣΣΑΛΟΝΙΚΗΣ



INEB

ΙΝΣΤΙΤΟΥΤΟ ΕΦΑΡΜΟΣΜΕΝΩΝ ΒΙΟΕΠΙΣΤΗΜΩΝ
INSTITUTE OF APPLIED BIOSCIENCES
ΕΘΝΙΚΟ ΚΕΝΤΡΟ ΕΡΕΥΝΑΣ & ΤΕΧΝΟΛΟΓΙΚΗΣ ΑΝΑΠΤΥΞΗΣ



Εργαστήριο
Δενδροκομίας
Α.Π.Θ.



FONDAZIONE
EDMUND
MACH

Για την υλοποίηση του έργου απασχολήθηκαν / συμμετείχαν



SweetBiOmics

5

**Προπτυχιακοί
και
μεταπτυχιακοί
φοιτητές**

5

**Υποψήφιοι
διδάκτορες**

5

Μεταδιδάκτορες

10

**Καθηγητές και
Ερευνητές**

Το έργο χρηματοδοτείται από το Ελληνικό Ίδρυμα Έρευνας και Καινοτομίας (ΕΛΙΔΕΚ) και από τη Γενική Γραμματεία Έρευνας και Καινοτομίας (ΓΓΕΚ), με αρ. 148 Σύμβασης Έργου.