



ΕΘΝΙΚΟ ΚΑΙ ΚΑΠΟΔΙΣΤΡΙΑΚΟ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΑΘΗΝΩΝ
Σχολή Επιστημών Υγείας
Ιατρική Σχολή

Α' Μαιευτική και Γυναικολογική Κλινική
Διευθυντής: Καθηγητής Δημήτριος Λουτράδης

ΔΙΔΑΚΤΟΡΙΚΗ ΔΙΑΤΡΙΒΗ

***Ανακάλυψη πρωτεϊνών σχετικών με την παθολογία
του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας***

Βασιλική Λυγηρού, MSc
Βιοχημικός - Βιοτεχνολόγος

Αθήνα, Ιανουάριος 2019

Τριμελής Συμβουλευτική Επιτροπή

Παππά Καλλιόπη - Αναπληρώτρια Καθηγήτρια Μαιευτικής -
Γυναικολογίας Ιατρικής Σχολής ΕΚΠΑ (Επιβλέπουσα)

Λουτράδης Δημήτριος - Καθηγητής Μαιευτικής - Γυναικολογίας Ιατρικής
Σχολής ΕΚΠΑ

Ρουμπελάκη Μαρία - Επίκουρη Καθηγήτρια Βιολογίας Ιατρικής Σχολής
ΕΚΠΑ

Επταμελής εξεταστική επιτροπή

Παππά Καλλιόπη - Αναπληρώτρια Καθηγήτρια Μαιευτικής -
Γυναικολογίας Ιατρικής Σχολής ΕΚΠΑ (Επιβλέπουσα)

Ηλιόπουλος Αριστείδης - Καθηγητής Βιολογίας Ιατρικής Σχολής ΕΚΠΑ

Λουτράδης Δημήτριος - Καθηγητής Μαιευτικής - Γυναικολογίας Ιατρικής
Σχολής ΕΚΠΑ

Βάκας Παναγιώτης - Αναπληρωτής Καθηγητής Μαιευτικής -
Γυναικολογίας Ιατρικής Σχολής ΕΚΠΑ

Δασκαλάκης Γεώργιος - Αναπληρωτής Καθηγητής Μαιευτικής -
Γυναικολογίας Ιατρικής Σχολής ΕΚΠΑ

Γρηγοριάδης Θεμιστοκλής - Επίκουρος Καθηγητής Μαιευτικής -
Γυναικολογίας Ιατρικής Σχολής ΕΚΠΑ

Ρουμπελάκη Μαρία - Επίκουρη Καθηγήτρια Βιολογίας Ιατρικής Σχολής
ΕΚΠΑ

Η παρούσα διδακτορική διατριβή εκπονήθηκε στην Α' Μαιευτική και Γυναικολογική Κλινική του Νοσοκομείου Αλεξάνδρα, υπό την επίβλεψη της Αναπληρώτριας Καθηγήτριας Καλλιόπης Παππά. Η ερευνητική εργασία υποστηρίχθηκε από το Ελληνικό Ίδρυμα Έρευνας και Καινοτομίας (ΕΛΙΔΕΚ) και από τη Γενική Γραμματεία Έρευνας και Τεχνολογίας (ΓΓΕΤ), στο πλαίσιο της Δράσης «Υποτροφίες ΕΛΙΔΕΚ Υποψηφίων Διδασκτόρων» (αρ. Σύμβασης: 83858/12) και το ερευνητικό έργο «ΘΑΛΗΣ» με ακρωνύμιο CERVI-CAN-PROT και επιστημονική υπεύθυνη την Καλλιόπη Παππά (Project number: 383418), στα πλαίσια του Επιχειρησιακού Προγράμματος «ΕΚΠΑΙΔΕΥΣΗ ΚΑΙ ΔΙΑ ΒΙΟΥ ΜΑΘΗΣΗ», το οποίο συγχρηματοδοτείται από την Ευρωπαϊκή Ένωση (Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο) και από Εθνικούς Πόρους.



Με τη συγχρηματοδότηση της Ελλάδας και της Ευρωπαϊκής Ένωσης

Όρκος του Ιπποκράτη

"Επειδή η διάσημος των Ιατρών Σχολή, του Πρυτάνεως επινεύσαντος ες τους εαυτοίς διδάκτορας δοκιμάσαι με καταξίωσιν, αυτή τε και τη Πρυτανική δημοσία τηνδε δίδωμι πίστιν. Ηγήσθε με τους διδάξαντας με ταύτην την τέχνην, ίσα γενέτησιν εμοίσι, τη δε τέχνη μηδαμή επ' ευμαρήν χρήσεσθαι τη εμαυτού εν τω βίω, αλλ' εις δόξαν θεού και ανθρώπων σωτηρίην και της πίστεως αυτής τιμήν τε και όνησιν παν με ό,τι ιητρού έργον εστί, πιστώσ και ακριβώς κατά δύναμιν και κρίσιν την εμήν επιτελέων, τοίσι δε νοσέουσιν, ήν τε πλούσιοι τυχώσιν όντες ήν τε πένητες, ομοίη σπουδή την εκ τέχνης επαγινέων επικουρίην μηδέ, παραβόλως αποπειρώμενος την τεο ζόην αποκυβεύσειν μηδ' τητρεύσειν επί χρηματισμώ ή φάτιος ήμέρω. Ες οικίας δε οκόσας αν εσίω, εσελεήσεσθαι επ' ωφελείη καμνόντων εκτός εών πάσης αδικίης. Α δ' αν εν θεραπηή ή ίδω ή ακούσω ή και άνευ θεραπηής κατά βίον ανθρώπων, ά μη μήποτε εκλαλέεσθαι έξω, σιγήσεσθαι άρρητα ηγευμένος τα τοιαύτα, της δε τέχνης επιμελήσεσθαι κατά δύναμιν σπουδήν πλείστην ποιευμένος ακριβώσαι ταύτης τα θέσμια. Τοίσι δε ομοτέχνοισι φιλόφρονα και φιλόανθρωπον εμαυτόν αεί παρέξειν και σφέας αδελφοίσιν ίσον επικρινέοιν άρρεσι πάν σφι προθύμως συμβαλλόμενος εξ ότεο αν ωελίη γένοιτο τοίσι κάμνουσι. Ταύτην μοι την επαγγελίην επιτελέα ποιέοντι ειη επαύρασθαι βίου και τέχνης και Θεόν κτήσασθαι αρηγόνα, παραβαίνοντι δε τανάντια τουτέων".

Πίνακας περιεχομένων

Όρκος του Ιπποκράτη	3
Πίνακας περιεχομένων	4
Σύντομο βιογραφικό σημείωμα υποψήφιας διδάκτορος	8
Σχετικές δημοσιεύσεις κατά τη διάρκεια της διδακτορικής διατριβής	14
Συμμετοχή σε συνέδρια κατά τη διάρκεια της διδακτορικής διατριβής..	16
Ευχαριστίες	18
Περίληψη (Ελληνική γλώσσα)	21
Περίληψη (Αγγλική γλώσσα).....	24
Εισαγωγή.....	26
Δημογραφικά στοιχεία για τον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας	26
Η βιολογία του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας	27
Μόλυνση από τον ιό HPV	30
Το γονιδίωμα του ιού HPV	30
Ο κύκλος ζωής του ιού HPV στο τραχηλικό επιθήλιο	33
Πρωτογενής πρόληψη του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας	34
Εφαρμοσμένες προσεγγίσεις.....	34
Πρόσφατες εξελίξεις	36
Εμβολιασμός σε χώρες χαμηλού ή μεσαίου εισοδήματος	37
Δευτερογενής πρόληψη του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας.....	40
Κυτταρολογικός έλεγχος	40
HPV τεστ	43

Μακροσκοπικός έλεγχος	45
Μοριακοί δείκτες	47
Θεραπεία του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας.....	48
Χειρουργική επέμβαση	48
Τεχνολογίες απεικόνισης	49
Χημειοραδιοθεραπεία.....	49
Βραχυθεραπεία	50
Νέες θεραπευτικές προσεγγίσεις	52
Η πρωτεωμική ανάλυση στον καρκίνο.....	53
Ανάγκη για ανακάλυψη νέων πρωτεϊνών που σχετίζονται με τον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας	56
Σκοπός	58
Υλικά και Μέθοδοι.....	60
Εργαλεία βιοπληροφορικής ανάλυσης αποτελεσμάτων πρωτεωμικής μελέτης με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας ...	60
Καλλιέργεια κυτταρικών σειρών.....	61
Οι κυτταρικές σειρές	61
Συνθήκες καλλιέργειας	63
Συλλογή ολικού πρωτεϊνικού εκχυλίσματος από τις κυτταρικές σειρές .	65
Δημιουργία ιζήματος κυττάρων.....	65
Ομογενοποίηση κυττάρων σε διάλυμα λύσης.....	65
Προσδιορισμός συγκέντρωσης πρωτεΐνης με τη μέθοδο Bradford .	66
Πρωτεωμική ανάλυση με τη μέθοδο GeLC-MS/MS	67

Προετοιμασία δειγμάτων για LC-MS/MS	67
Ανάλυση με LC-MS/MS.....	69
Ποσοτικοποίηση και στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων της ανάλυσης LC-MS/MS	70
Βιοπληροφορική ανάλυση αποτελεσμάτων πρωτεωμικής μελέτης με τη μέθοδο GeLC-MS/MS.....	71
Βιβλιογραφική ανασκόπηση	72
Αποτελέσματα.....	73
Βιοπληροφορική ανάλυση αποτελεσμάτων πρωτεωμικής μελέτης με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας	73
Πρωτεωμική μελέτη με τη μέθοδο GeLC-MS/MS	75
Πρωτεϊνικές αναγνωρίσεις ανά κυτταρική σειρά.....	75
Μελέτη διαφορικής έκφρασης πρωτεϊνών ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές καρκίνου του τραχήλου της μήτρας και φυσιολογικών κερατινοκυττάρων	77
Σύγκριση με τα αποτελέσματα της πρωτεωμικής ανάλυσης με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας	79
Βιοπληροφορική ανάλυση των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών της πρωτεωμικής μελέτης με τη μέθοδο GeLC-MS/MS	80
Διαλογή των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές καρκίνου του τραχήλου της μήτρας και φυσιολογικών κερατινοκυττάρων	82
Ανασκόπηση της βιβλιογραφίας για τον εντοπισμό πρωτεϊνών για περαιτέρω διερεύνηση	85
Συζήτηση.....	89

Βιβλιογραφία.....	96
Παράρτημα	108
Πίνακας I. Διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές HeLa και HCK1T όπως προκύπτουν από την πρωτεωμική μελέτη με τη μέθοδο GeLC-MS/MS	108
Πίνακας II. Διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές SiHa και HCK1T όπως προκύπτουν από την πρωτεωμική μελέτη με τη μέθοδο GeLC-MS/MS	137
Πίνακας III. Διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές C33A και HCK1T όπως προκύπτουν από την πρωτεωμική μελέτη με τη μέθοδο GeLC-MS/MS	163
Πίνακας IV. Μοριακά μονοπάτια στα οποία εμπλέκονται οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές HeLa και HCK1T	205
Πίνακας V. Μοριακά μονοπάτια στα οποία εμπλέκονται οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές SiHa και HCK1T	206
Πίνακας VI. Μοριακά μονοπάτια στα οποία εμπλέκονται οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές C33A και HCK1T	207
Πίνακας VII. Διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες με σταθερή τάση έκφρασης και στις τρεις συγκρίσεις HeLa/HCK1T, SiHa/HCK1T και C33A/HCK1T.....	209

Σύντομο βιογραφικό σημείωμα υποψήφιας διδάκτορος

Προσωπικά στοιχεία

Ημερομηνία γέννησης: 05/09/1989

Κινητό τηλέφωνο: 6973622387

Διεύθυνση ηλεκτρονικού ταχυδρομείου: vlygirou@hotmail.com

Εκπαίδευση

Ιούνιος 2015- Ιανουάριος 2019	Υποψήφια διδάκτωρ της Ιατρικής Σχολής του Εθνικού Καποδιστριακού Πανεπιστημίου Αθηνών
Οκτώβριος 2011- Ιούλιος 2014	Πρόγραμμα Μεταπτυχιακών Σπουδών Μοριακή Ιατρική με κατεύθυνση Προηγμένη Μοριακή Διαγνωστική της Ιατρικής Σχολής του Εθνικού Καποδιστριακού Πανεπιστημίου Αθηνών
Σεπτέμβριος 2007- Οκτώβριος 2011	Πτυχίο του τμήματος Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας της Σχολής Επιστημών Υγείας του Πανεπιστημίου Θεσσαλίας
Ιούνιος 2007	Αποφοίτηση από το Γενικό Λύκειο Παμφίλων.

Εργαστηριακή

εμπειρία

Ιούνιος 2015-...	<ul style="list-style-type: none">- Εκπόνηση διδακτορικής διατριβής στην Α' Μαιευτική και Γυναικολογική Κλινική της Ιατρικής Σχολής του Εθνικού Καποδιστριακού Πανεπιστημίου Αθηνών με θέμα «Ανακάλυψη πρωτεϊνών σχετικών με την παθολογία του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας»- Επιβλέπτουσα: Καλλιόπη Παππά- Τεχνικές: προετοιμασία δειγμάτων για LC-MS/MS, Western blot, IHC, στατιστική ανάλυση, βιοπληροφορική ανάλυση (Ingenuity Pathway Analysis, Cytoscape, String, Panther), βασική γνώση προγραμματισμού R
Ιούλιος 2014 - Μάιος 2015	<ul style="list-style-type: none">- Επιστημονική συνεργάτης στο Εργαστήριο Πρωτεωμικής του Ιδρύματος Ιατροβιολογικών Ερευνών της Ακαδημίας Αθηνών στο πρόγραμμα TransBioBC με αντικείμενο «Ανακάλυψη και επιβεβαίωση κλινικής χρήσης βιοδεικτών για τον καρκίνο της ουροδόχου κύστεως»- Συμμετοχή σε project του εργαστηρίου με αντικείμενο «Ρόλος του γονιδίου της Heme Oxygenase-1 στη νεφρική ανεπάρκεια»- Τεχνικές: 2D ηλεκτροφόρηση πρωτεϊνών, MALDI, ELISA, Προετοιμασία κλινικών δειγμάτων (ούρα, πλάσμα) για πρωτεωμική ανάλυση, Ανοσοϊστοχημεία, Στατιστική ανάλυση (Microsoft Office Excel, SPSS), Βιοπληροφορική ανάλυση δεδομένων (Ingenuity Pathway Analysis, Cytoscape, String, Panther).

- | | |
|------------------------------------|--|
| Σεπτέμβριος 2012 -
Ιούλιος 2014 | <ul style="list-style-type: none">- Εκπόνηση διπλωματικής εργασίας του ΠΜΣ Μοριακή Ιατρική στο Εργαστήριο Πρωτεωμικής του Ιδρύματος Ιατροβιολογικών Ερευνών της Ακαδημίας Αθηνών- «Πρωτεωμική μελέτη κυτταρικών σειρών για την ανακάλυψη βιοδεικτών του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας»- <i>Επιβλέπων:</i> Νικόλαος Ανάγνου- <i>Τεχνικές:</i> 2D ηλεκτροφόρηση πρωτεϊνών, MALDI, Western blot, Κυτταρικές καλλιέργειες, Βιοπληροφορική ανάλυση δεδομένων (Ingenuity Pathway Analysis, Cytoscape, String, Panther). |
| Μάρτιος 2012 -
Ιούλιος 2012 | <ul style="list-style-type: none">- Πρακτική άσκηση στο Εργαστήριο Νευροενδοκρινολογίας του Ιδρύματος Ιατροβιολογικών Ερευνών της Ακαδημίας Αθηνών και σε εργαστήριο του Χωρέμειου κτηρίου του Νοσοκομείου Παιδών "Η Αγία Σοφία", ως rotation student στα πλαίσια του ΠΜΣ Μοριακή Ιατρική- «Εύρεση μεταλλάξεων στο γονίδιο CYP21, σε κλινικά δείγματα, μέσω αλληλούχισης, με σκοπό τη διάγνωση ασθενών με Οικογενή Υπερπλασία των Επινεφριδίων»- <i>Επιβλέπουσα:</i> Ευαγγελία Χαρμανδάρη- <i>Τεχνικές:</i> εξαγωγή DNA από δείγματα αίματος ασθενών (DNA extraction), PCR, καθαρισμός/προετοιμασία των προϊόντων PCR για αλληλούχιση (ExoSAP), αξιολόγηση των αποτελεσμάτων της αλληλούχισης. |
| Οκτώβριος 2011 -
Μάρτιος 2012 | <ul style="list-style-type: none">- Πρακτική άσκηση στο Εργαστήριο Πρωτεωμικής του Ιδρύματος Ιατροβιολογικών Ερευνών της Ακαδημίας Αθηνών ως rotation student στα πλαίσια του ΠΜΣ Μοριακή Ιατρική- «Πρωτεωμική μελέτη για την ανακάλυψη και τον έλεγχο βιοδεικτών του καρκίνου της ουροδόχου κύστης»- <i>Επιβλέπουσα:</i> Αντωνία Βλάχου- <i>Τεχνικές:</i> 2D ηλεκτροφόρηση πρωτεϊνών, Western blot, ELISA. |
| Οκτώβριος 2010 -
Απρίλιος 2011 | <ul style="list-style-type: none">- Εκπόνηση διπλωματικής εργασίας στο εργαστήριο Μοριακής Βιολογίας και Γονιδιωματικής του τμήματος Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας του Πανεπιστημίου Θεσσαλίας- «Κλωνοποίηση του γονιδιακού τόπου του ριβοσωμικού RNA στο δάκο της ελιάς»- <i>Επιβλέπων:</i> Κωνσταντίνος Ματθιόπουλος- <i>Τεχνικές:</i> PCR, Long PCR, Ηλεκτροφόρηση νουκλεϊκών οξέων σε gel αγαρόζης, Southern blot, δημιουργία ανιχνευτών, πέψεις DNA με ένζυμα περιορισμού, διαλογή φαγικής γονιδιωματικής βιβλιοθήκης. Επίσης, χρησιμοποιήθηκαν τα προγράμματα στοίχισης αλληλουχιών και φυλογενετικής ανάλυσης, MEGA και OMIGA. |
| Ιούλιος 2009 -
Αύγουστος 2009 | <ul style="list-style-type: none">- Δίμηνη πρακτική άσκηση στο Εργαστήριο Βιοχημείας του Γενικού Νοσοκομείου Μυτιλήνης «ΒΟΣΤΑΝΕΙΟ»- Κλινικές βιοχημικές αναλύσεις- <i>Επιβλέπων:</i> Σπυρίδων Κουτλής- Έγινε χρήση βιοχημικών αναλυτών, βιοχημικών αναλυτών ηλεκτρολυτών, αναλυτή ξηρής χημείας, μηχανήματος ηλεκτροφόρησης πρωτεϊνών καθώς και όλων των αντίστοιχων λογισμικών προγραμμάτων αυτών. |

**Υποτροφίες –
Βραβεία**

Αύγουστος 2017 -
Νοέμβριος 2018

Υποτροφία για την εκπόνηση διδακτορικής διατριβής από τη Γενική Γραμματεία Έρευνας και Τεχνολογίας (ΓΓΕΤ) και το Ελληνικό Ίδρυμα Έρευνας και Καινοτομίας (ΕΛΙΔΕΚ).

2007-2011

Υποτροφία από το Ίδρυμα Παπαδημητρίου ως απόφοιτη Γενικού Λυκείου με βαθμό απολυτηρίου «Άριστα» και εισαγωγή σε ΑΕΙ.

2007

Βραβείο από τράπεζα για τον απόφοιτο κάθε Γενικού Λυκείου με τον υψηλότερο βαθμό απολυτηρίου.

Ξένες γλώσσες

Αγγλική

Άριστη γνώση και δυνατότητα επικοινωνίας. Εκτενής εμπειρία επιστημονικής συγγραφής. Πτυχίο επιπέδου Γ2: CaMLA, Examination for the Certificate of Proficiency in English (ECPE).

**Ηλεκτρονικοί
Υπολογιστές**

Άψογη χρήση λειτουργικού συστήματος Windows και διαδικτύου. Άριστη γνώση χειρισμού μεγάλου εύρους προγραμμάτων, όπως προγραμμάτων ειδικών για μοριακές και φυλογενετικές αναλύσεις, βιοπληροφορικής ανάλυσης και προγραμμάτων στατιστικών αναλύσεων, όπως: MEGA Software, OMIGA, SPSS, PDQuest 2-D Analysis Software, PANTHER Classification System, STRING Database, Cytoscape, Ingenuity Pathway Analysis. Βασική γνώση προγραμματισμού R. Πτυχία: Microsoft Office Specialist Word 2003, Microsoft Office Specialist Excel 2003, Microsoft Office Specialist Outlook 2003

Δημοσιεύσεις

1. *Membrane proteomics of cervical cancer cell lines reveal insights on the process of cervical carcinogenesis.* Pappa KI, Christou P, Xholi A, Mermelekas G, Kontostathi G, **Lygirou V**, Makridakis M, Zoidakis J, Anagnostou NP. *Int J Oncol.* 2018 Nov;53(5):2111-2122.
2. *Plasma proteomic analysis reveals altered protein abundances in cardiovascular disease.* **Lygirou V**, Latosinska A, Makridakis M, Mullen W, Delles C, Schanstra JP, Zoidakis J, Pieske B, Mischak H, Vlahou A. *J Transl Med.* 2018 Apr 17;16(1):104.
3. *Novel structural approaches concerning HPV proteins: Insight into targeted therapies for cervical cancer (Review).* Pappa KI, Kontostathi G, **Lygirou V**, Zoidakis J, Anagnostou NP. *Oncol Rep.* 2018 Apr;39(4):1547-1554.
4. *High Resolution Proteomic Analysis of the Cervical Cancer Cell Lines Secretome Documents Deregulation of Multiple Proteases.* Pappa KI, Kontostathi G, Makridakis M, **Lygirou V**, Zoidakis J, Daskalakis G, Anagnostou NP. *Cancer Genomics Proteomics.* 2017 Nov-Dec;14(6):507-521.
5. *Proteomics analysis of bladder cancer invasion: Targeting EIF3D for therapeutic intervention.* Latosinska A, Mokou M, Makridakis M, Mullen W, Zoidakis J, **Lygirou V**, Frantzi M, Katafigiotis I, Stravodimos K, Hupe MC, Dobrzynski M, Kolch W, Merseburger AS, Mischak H, Roubelakis

- MG, Vlahou A. *Oncotarget*. 2017 Apr 20;8(41):69435-69455.
6. *Proteomic Analysis of Normal and Cancer Cervical Cell Lines Reveals Deregulation of Cytoskeleton-associated Proteins*. Pappa KI, **Lygirou V**, Kontostathi G, Zoidakis J, Makridakis M, Vougas K, Daskalakis G, Polyzos A, Anagnou NP. *Cancer Genomics Proteomics*. 2017 Jul-Aug;14(4):253-266.
 7. *Cervical Cancer Cell Line Secretome Highlights the Roles of Transforming Growth Factor-Beta-Induced Protein ig-h3, Peroxiredoxin-2, and NRF2 on Cervical Carcinogenesis*. Kontostathi G, Zoidakis J, Makridakis M, **Lygirou V**, Mermelekas G, Papadopoulos T, Vougas K, Vlamis-Gardikas A, Drakakis P, Loutradis D, Vlahou A, Anagnou NP, Pappa KI. *Biomed Res Int*. 2017;2017:4180703. doi: 10.1155/2017/4180703.
 8. *Proteomics in cardiovascular disease: recent progress and clinical implication and implementation*. Mokou M, **Lygirou V**, Vlahou A, Mischak H. *Expert Rev Proteomics*. 2017 Feb;14(2):117-136. doi: 10.1080/14789450.2017.1274653.
 9. *Silencing of Profilin-1 suppresses cell adhesion and tumor growth via predicted alterations in integrin and Ca²⁺ signaling in T24M-based bladder cancer models*. Frantzi M, Klimou Z, Makridakis M, Zoidakis J, Latosinska A, Borràs DM, Janssen B, Giannopoulou I, **Lygirou V**, Lazaris AC, Anagnou NP, Mischak H, Roubelakis MG, Vlahou A. *Oncotarget*. 2016 Sep 23. doi: 10.18632/oncotarget.12218.
 10. *Effect of Heme Oxygenase-1 Deficiency on Glomerular Proteomics*. Detsika MG, **Lygirou V**, Frantzis V, Zoidakis J, Atsaves V, Poulaki E, Gakiopoulou H, Vlahou A, Lianos EA. *Am J Nephrol*. 2016;43(6):441-50.
 11. *Analytical Performance of ELISA Assays in Urine: One More Bottleneck towards Biomarker Validation and Clinical Implementation*. Chatziharalambous D, **Lygirou V**, Latosinska A, Stravodimos K, Vlahou A, Jankowski, Zoidakis J. *PLoS One*. 2016 Feb 18;11(2):e0149471.
 12. *Biological Sample Collection for Clinical Proteomics: Existing SOPs*. **Lygirou V**, Makridakis M, Vlahou A. *Methods Mol Biol*. 2015;12343:3-27

**Παρουσιάσεις σε
συνέδρια**

Αθήνα, Ελλάδα
17-19 Μαΐου 2018

"Insights to the common molecular regulators of cardiovascular disease by plasma proteomics and bioinformatics analysis", **Vasiliki Lygirou**, Agnieszka Latosinska, Manousos Makridakis, William Mullen, Christina Vasilopoulou, Christian Delles, Joost Schanstra, Jerome Zoidakis, Burkert Pieske, Harald Mischak, Antonia Vlahou στο 1st Olympiad in Cardiovascular Medicine, International Symposium on Experimental and Clinical Cardiology (αναρτημένη ανακοίνωση)

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Αθήνα, Ελλάδα 10-12 Νοεμβρίου 2017	“Plasma proteomic analysis reveals altered protein abundances in cardiovascular disease”, Vasiliki Lygirou , Agnieszka Latosinska, Manousos Makridakis, William Mullen, Christina Vasilopoulou, Christian Delles, Joost Schanstra, Jerome Zoidakis, Burkert Pieske, Harald Mischak, Antonia Vlahou, στο 68ο Πανελλήνιο Συνέδριο της Ελληνικής Εταιρίας Βιοχημείας και Μοριακής Βιολογίας (προφορική ανακοίνωση)
Ιωάννινα, Ελλάδα 25-27 Νοεμβρίου 2016	“Investigation of T-Cell oxidative stress response to exogenous (H ₂ O ₂) or endogenous (genetic mutations) redox stimuli using a combined proteomics approach”, George Mermelekas, Liselotte Bäckdahl, Manousos Makridakis, Vasiliki Bitsika, Vasiliki Lygirou , Georgia Kontostathi, Antonia Vlahou, Rikard Holmdahl, στο 67ο Πανελλήνιο Συνέδριο της Ελληνικής Εταιρίας Βιοχημείας και Μοριακής Βιολογίας (αναρτημένη ανακοίνωση)
Σάλτσμπουργκ, Αυστρία 15-18 Ιουνίου 2016	“High sensitivity proteomic analysis reveals novel pathways and key regulators in the pathology of cervical cancer”, V. Lygirou , G. Kontostathi, J. Zoidakis, A. Vlahou, N.P. Anagnou, K.I. Pappa, στο EUROGIN 2016 (προφορική ανακοίνωση)
Αθήνα, Ελλάδα 11-14 Μαΐου 2016	“High sensitivity proteomic analysis of cell lines for the discovery of molecular mechanisms involved in cervical cancer”, V. Lygirou , G. Kontostathi, J. Zoidakis, A. Vlahou, N. P. Anagnou, K. I. Pappa, στο 42ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο (αναρτημένη ανακοίνωση)
Αθήνα, Ελλάδα 11-13 Δεκεμβρίου 2015	“Highly sensitive analysis of the intracellular proteome of three cervical cancer cell lines and its comparison to normal keratinocytes”, V. Lygirou , G. Kontostathi, J. Zoidakis, A. Vlahou, N. P. Anagnou, K. I. Pappa, στο 66ο Πανελλήνιο Συνέδριο της Ελληνικής Εταιρίας Βιοχημείας και Μοριακής Βιολογίας (αναρτημένη ανακοίνωση)
Αθήνα, Ελλάδα 10 Δεκεμβρίου 2015	“Highly sensitive analysis of the intracellular proteome of three cervical cancer cell lines and its comparison to normal keratinocytes”, V. Lygirou , G. Kontostathi, J. Zoidakis, A. Vlahou, N. P. Anagnou, K. I. Pappa, στο 3ο Πανελλήνιο Φόρουμ Νέων Επιστημόνων (προφορική ανακοίνωση)
Λισαβόνα, Πορτογαλία 17-21 Σεπτεμβρίου 2015	“Proteomic map study of cervical cancer cell lines”, V. Lygirou , G. Kontostathi, J. Zoidakis, A. Vlahou, N. P. Anagnou, K. I. Pappa, στο 30ο International Papillomavirus Conference, HPV2015 (αναρτημένη ανακοίνωση)

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

- | | |
|---|--|
| Αθήνα, Ελλάδα
10-13 Ιουνίου 2015 | “Cofilin-1 emerges as a potential biomarker for cervical cancer”, V. Lygirou , J. Zoidakis, A. Vlahou, N. P. Anagnou, K. I. Pappa, στο 41ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο (προφορική ανακοίνωση) |
| Σεβίλλη, Ισπανία
4-7 Φεβρουαρίου
2015 | “Evaluation of the proteins SPARC, SLIT-2 and SURVIVIN in urine as bladder cancer biomarkers”, V. Lygirou , D. Chatziharalambous, I. Katafigiotis, K. Stranodimos, A. Vlahou, J. Zoidakis, στο 41ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο (αναρτημένη ανακοίνωση) |
| Αθήνα, Ελλάδα
14-17 Μαΐου 2014 | “Proteomic map study of cervical cancer cell lines”, K. I. Pappa, I. Zoidakis, V. Lygirou , G. Kontostathi, A. Vlahou, N. P. Anagnou, στο EUROGIN 2015 (αναρτημένη ανακοίνωση) |
| Αθήνα, Ελλάδα
6-8 Δεκεμβρίου 2013 | “Proteomic signatures of cervical cancer cell lines”, Lygirou V , Zoidakis J, Vlahou A, Agorastos T, Anagnou NP, Pappa KI, στο 40ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο (προφορική ανακοίνωση) |
| Αθήνα, Ελλάδα
6-8 Δεκεμβρίου 2013 | “Proteomic studies of cervical cancer cell lines for the discovery of early cervical cancer biomarkers”, Lygirou V , Zoidakis J, Vlahou A, Anagnou NP, Pappa KI, στο 64ο Πανελλήνιο Συνέδριο της Ελληνικής Εταιρίας Βιοχημείας και Μοριακής Βιολογίας (αναρτημένη ανακοίνωση) |

Σχετικές δημοσιεύσεις κατά τη διάρκεια της διδακτορικής διατριβής

1. *High resolution analysis of the intracellular proteome of cervical cancer cell lines unveils novel regulators of cervical carcinogenesis.* Pappa KI, **Lygirou V**, Kontostathi G, Makridakis M, Vougas K, Sfakianakis A, Daskalakis G, Zoidakis J, Anagnou NP. **Currently under review at Oncol. Rep.**
2. *Membrane proteomics of cervical cancer cell lines reveal insights on the process of cervical carcinogenesis.* Pappa KI, Christou P, Xholi A, Mermelekas G, Kontostathi G, **Lygirou V**, Makridakis M, Zoidakis J, Anagnou NP. *Int J Oncol.* 2018 Aug 7. doi: 10.3892/ijo.2018.4518.
3. *Novel structural approaches concerning HPV proteins: Insight into targeted therapies for cervical cancer (Review).* Pappa KI, Kontostathi G, **Lygirou V**, Zoidakis J, Anagnou NP. *Oncol Rep.* 2018 Feb 9. doi: 10.3892/or.2018.6257.
4. *High Resolution Proteomic Analysis of the Cervical Cancer Cell Lines Secretome Documents Deregulation of Multiple Proteases.* Pappa KI, Kontostathi G, Makridakis M, **Lygirou V**, Zoidakis J, Daskalakis G, Anagnou NP. *Cancer Genomics Proteomics.* 2017 Nov-Dec;14(6):507-521.
5. *Proteomic Analysis of Normal and Cancer Cervical Cell Lines Reveals Deregulation of Cytoskeleton-associated Proteins.* Pappa KI, **Lygirou V**, Kontostathi G, Zoidakis J, Makridakis M, Vougas K, Daskalakis G, Polyzos A, Anagnou NP. *Cancer Genomics Proteomics.* 2017 Jul-Aug;14(4):253-266.

6. *Cervical Cancer Cell Line Secretome Highlights the Roles of Transforming Growth Factor-Beta-Induced Protein ig-h3, Peroxiredoxin-2, and NRF2 on Cervical Carcinogenesis.* Kontostathi G, Zoidakis J, Makridakis M, **Lygirou V**, Mermelekas G, Papadopoulos T, Vougas K, Vlamis-Gardikas A, Drakakis P, Loutradis D, Vlahou A, Anagnou NP, Pappa KI. *Biomed Res Int.* 2017;2017:4180703. doi: 10.1155/2017/4180703.

Συμμετοχή σε συνέδρια κατά τη διάρκεια της διδακτορικής διατριβής

- Σάλτσμπουργκ, Αυστρία**
15-18 Ιουνίου 2016
“High sensitivity proteomic analysis reveals novel pathways and key regulators in the pathology of cervical cancer”, **V. Lygirou**, G. Kontostathi, J. Zoidakis, A. Vlahou, N.P. Anagnostou, K.I. Pappa, στο EUROGIN 2016 (προφορική ανακοίνωση)
- Αθήνα, Ελλάδα**
11-14 Μαΐου 2016
“High sensitivity proteomic analysis of cell lines for the discovery of molecular mechanisms involved in cervical cancer”, **V. Lygirou**, G. Kontostathi, J. Zoidakis, A. Vlahou, N. P. Anagnostou, K. I. Pappa, στο 42^ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο (αναρτημένη ανακοίνωση)
- Αθήνα, Ελλάδα**
11-13 Δεκεμβρίου 2015
“Highly sensitive analysis of the intracellular proteome of three cervical cancer cell lines and its comparison to normal keratinocytes”, **V. Lygirou**, G. Kontostathi, J. Zoidakis, A. Vlahou, N. P. Anagnostou, K. I. Pappa, στο 66^ο Πανελλήνιο Συνέδριο της Ελληνικής Εταιρίας Βιοχημείας και Μοριακής Βιολογίας (αναρτημένη ανακοίνωση)
- Αθήνα, Ελλάδα**
10 Δεκεμβρίου 2015
“Highly sensitive analysis of the intracellular proteome of three cervical cancer cell lines and its comparison to normal keratinocytes”, **V. Lygirou**, G. Kontostathi, J. Zoidakis, A. Vlahou, N. P. Anagnostou, K. I. Pappa, στο 3^ο Πανελλήνιο Φόρουμ Νέων Επιστημόνων (προφορική ανακοίνωση)
- Λισαβόνα, Πορτογαλία**
17-21 Σεπτεμβρίου 2015
“Proteomic map study of cervical cancer cell lines”, **V. Lygirou**, G. Kontostathi, J. Zoidakis, A. Vlahou, N. P. Anagnostou, K. I. Pappa, στο 30^ο International Papillomavirus Conference, HPV2015 (αναρτημένη ανακοίνωση)

- Αθήνα, Ελλάδα**
10-13 Ιουνίου
2015 “*Cofilin-1 emerges as a potential biomarker for cervical cancer*”,
V. Lygirou, J. Zoidakis, A. Vlahou, N. P. Anagnostou, K. I. Pappa, στο
41^ο Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο (προφορική ανακοίνωση)
- Σεβίλλη, Ισπανία**
4-7 Φεβρουαρίου
2015 “*Proteomic map study of cervical cancer cell lines*”, K. I. Pappa,
I. Zoidakis, **V. Lygirou**, G. Kontostathi, A. Vlahou, N. P. Anagnostou,
στο EUROGIN 2015 (αναρτημένη ανακοίνωση)
- Αθήνα, Ελλάδα**
14-17 Μαΐου 2014 “*Proteomic signatures of cervical cancer cell lines*”, **Lygirou V**,
Zoidakis J, Vlahou A, Agorastos T, Anagnostou NP, Pappa KI, στο 40^ο
Ετήσιο Πανελλήνιο Ιατρικό Συνέδριο (προφορική ανακοίνωση)
- Αθήνα, Ελλάδα**
6-8 Δεκεμβρίου
2013 “*Proteomic studies of cervical cancer cell lines for the discovery
of early cervical cancer biomarkers*”, **Lygirou V**, Zoidakis J,
Vlahou A, Anagnostou NP, Pappa KI, στο 64^ο Πανελλήνιο Συνέδριο
της Ελληνικής Εταιρίας Βιοχημείας και Μοριακής Βιολογίας
(αναρτημένη ανακοίνωση)

Ευχαριστίες

Θα ήθελα να εκφράσω τις θερμές ευχαριστίες μου προς τα μέλη της τριμελούς συμβουλευτικής επιτροπής, τους καθηγητές Καλλιόπη Παππά, Δημήτριο Λουτράδη και Μαρία Ρουμπελάκη για την ανάθεση της διδακτορικής διατριβής, την εμπιστοσύνη που έδειξαν προς το πρόσωπό μου και την υποστήριξη που παρείχαν καθ' όλη τη διάρκεια εκπόνησης και συγγραφής αυτής. Συγκεκριμένα, θα ήθελα να ευχαριστήσω ιδιαίτερω την επιβλέπουσα καθηγήτρια Καλλιόπη Παππά για την καθοδήγηση που μου προσέφερε σε όλη τη διάρκεια της διδακτορικής διατριβής και της ερευνητικής μελέτης που αυτή περιλαμβάνει καθώς και για την άριστη συνεργασία που είχαμε στα πλαίσια αυτής.

Θα ήθελα ακόμη να εκφράσω τις ευχαριστίες μου προς τον καθηγητή Νικόλαο Ανάγνου για την πολύτιμη συμβολή του στο συντονισμό και την πραγματοποίηση του ερευνητικού έργου στα πλαίσια του οποίου έλαβε χώρα η διδακτορική μου διατριβή, καθώς και τη Δρ. Αντωνία Βλάχου, υπεύθυνη του εργαστηρίου Πρωτεωμικής στο οποίο ένθερμα φιλοξενήθηκα και πραγματοποιήθηκαν τα πειράματα πρωτεωμικής ανάλυσης για την επιστημονική της καθοδήγηση.

Ιδιαίτερα θα ήθελα να ευχαριστήσω το Δρ. Ιερώνυμο Ζωιδάκη, για την προτροπή να επεκτείνω τους ερευνητικούς μου ορίζοντες και να πραγματοποιήσω αυτή τη διατριβή, την πρακτική και θεωρητική εκπαίδευσή μου σε θέματα βιοχημείας και πρωτεωμικής, την καθημερινή και ακούραστη καθοδήγηση και βοήθειά του σε κάθε πτυχή της διδακτορικής διατριβής και της συγγραφής αυτής αλλά και σε κάθε μου προσπάθεια να επιτύχω πέραν αυτών, τη μετάδοση της κριτικής σκέψης και άλλων πολύτιμων χαρακτηριστικών για το χτίσιμο ενός ερευνητή

επιστήμονα, και, τέλος, για την ηθική υποστήριξη που παρείχε σε όλα τα χρόνια συνεργασίας μας, η οποία αποτέλεσε θεμέλιο κάθε καλής ιδέας και επιτυχίας μου. Χωρίς την ανεκτίμητη συνδρομή του δε θα μπορούσα να είχα πετύχει πολλά και να είμαι αυτή που είμαι σήμερα.

Ακόμη, θα ήθελα να απευθύνω τις θερμές ευχαριστίες μου στο Δρ. Μανούσο Μακρουδάκη για την εκπαίδευση μου πάνω σε τεχνικές πρωτεωμικής και μοριακής βιολογίας και την αμέριστη βοήθεια του σε κάθε πρόβλημα θεωρητικό ή πρακτικό, καθώς και στη Δρ. Γεωργία Κοντοστάθη για τη βοήθεια στις πειραματικές διαδικασίες και γενικότερα για την άριστη συνεργασία και συμπόρευση στο ερευνητικό έργο που πλαισιώνει αυτή τη διδακτορική διατριβή.

Επιπλέον, θα ήθελα να ευχαριστήσω, για την άψογη συνεργασία μας και το φιλικό κλίμα, τους Δρ. Szymon Filip, Δρ. Magdalena Krochmal, Δρ. Βασιλική Μπίτσικα, Δρ. Γεώργιο Μερμελέκα, Δρ. Έλενα Κριστέλη, Δρ. Κωνσταντίνο Βουγά, Μαρίκα Μώκου, Πολυξένη Χρίστου, Άννα Μαντσιου, Βασίλειο Φραντζή, Θεοδώρα Τόγια, Αγγελική Παπαδοπούλου καθώς και όλους τους μεταπτυχιακούς φοιτητές με τους οποίους συνεργάστηκα κατά τη διάρκεια των τελευταίων τεσσάρων ετών.

Τις ευχαριστίες μου ήθελα ακόμη να εκφράσω στους καθηγητές Αριστεΐδη Ηλιόπουλο, Θεμιστοκλή Γρηγοριάδη, Γεώργιο Δασκαλάκη και Παναγιώτη Βάκα οι οποίοι με τίμησαν με τη συμμετοχή τους στην επταμελή εξεταστική επιτροπή της διατριβής.

Τέλος, δε θα μπορούσα να παραλείψω από τις ευχαριστίες τα μέλη της οικογένειάς μου και τους κοντινούς μου φίλους για όλη την ηθική υποστήριξη που μου παρείχαν κατά τη διάρκεια της διδακτορικής μου

διατριβής. Αυτό το έργο θα ήταν αδύνατο χωρίς την αγάπη τους και την πίστη τους σε μένα.

Περίληψη (Ελληνική γλώσσα)

Ο καρκίνος του τραχήλου της μήτρας αποτελεί την τέταρτη συχνότερη και πιο θανατηφόρα μορφή καρκίνου στις γυναίκες, παγκοσμίως. Ο εμβολιασμός και ο προληπτικός έλεγχος έχουν μειώσει τα περιστατικά όμως η ασθένεια ευθύνεται για σημαντικό αριθμό θανάτων ενώ η διαθέσιμες θεραπευτικές μέθοδοι επηρεάζουν τη γονιμότητα των ασθενών. Σκοπός της διδακτορικής αυτής διατριβής αποτελεί η χρήση τεχνικών πρωτεωμικής σε συνδυασμό με τη βιοπληροφορική ανάλυση και την ανασκόπηση της βιβλιογραφίας για την ανακάλυψη νέων πρωτεϊνών που σχετίζονται με την παθολογία του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας με στόχο την καλύτερη κατανόηση των μοριακών μηχανισμών που διέπουν το σχηματισμό των δυσπλασιών. Για την επίτευξη του στόχου, χρησιμοποιήθηκαν τέσσερις κυτταρικές σειρές, αντιπροσωπευτικές των συχνότερων μολύνσεων από HPV (HeLa - HPV 18, SiHa - HPV 16), του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας χωρίς μόλυνση από HPV (C33A), καθώς και φυσιολογικών κερατινοκυττάρων του τραχήλου της μήτρας (HCK1T). Η ανάλυση των πρωτεϊνικών εκχυλισμάτων πραγματοποιήθηκε με τη μέθοδο GeLC-MS/MS και προσέφερε ικανοποιητικό αριθμό αναγνωρίσεων (2.500-3.500 πρωτεΐνες ανά κυτταρική σειρά) με πολύ καλή αναπαραγωγιμότητα. Από τη σύγκριση της κάθε κυτταρικής σειράς καρκίνου του τραχήλου της μήτρας με τη τα φυσιολογικά κερατινοκύτταρα προέκυψαν ~800-1.400 διαφορεικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες, ανά σύγκριση, οι οποίες παρέχουν χρήσιμη πληροφορία για τις μεταβολές στη ρύθμιση των σηματοδοτικών μονοπατιών και των σημαντικών μορίων στον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας. Η βιοπληροφορική ανάλυση των διαφορεικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών επιβεβαίωσε την ειδικότητα των αναγνωρίσεων και την

ακρίβεια των μετρήσεων καθώς τα μοριακά μονοπάτια που εμφάνισαν αλλαγή στη ρύθμισή τους σχετίζονται με τις υψηλές ενεργειακές ανάγκες και τον αυξημένο κυτταρικό κύκλο που είναι γνωστό ότι υφίστανται στα καρκινικά κύτταρα. Για τη διαλογή πρωτεϊνών ενδιαφέροντος για περαιτέρω διερεύνηση επιλέχθηκαν οι 105 διαφορεικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες που εμφάνισαν κοινή τάση έκφρασης στις τρεις συγκρίσεις (HeLa/HCK1T, SiHa/CK1T και C33A/HCK1T) και μελετήθηκαν ενδελεχώς στη βιβλιογραφία. Οι πρωτεΐνες που δεν είχαν μελετηθεί προηγουμένως στον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας αλλά υπάρχουν δεδομένα για αυτές σε άλλους τύπους καρκίνων με παρόμοια τάση έκφρασης όπως και στην παρούσα μελέτη, είναι συνολικά 21 και αποτελούν τη βάση για περαιτέρω μελέτη και πειράματα. Μάλιστα, μετά από βαθύτερη διερεύνηση, επιλέχθηκαν 7 από αυτές (LIM domain and actin-binding protein 1, Importin subunit alpha-1, Serum paraoxonase/arylesterase 2, Elongation factor 1-alpha 2, Caprin-1, Mitochondrial import receptor subunit TOM34, Ras GTPase-activating protein-binding protein 1) για πειράματα ανοσοϊστοχημείας σε δείγματα τραχήλου από υγιείς και ασθενείς με προκαρκινική δυσπλασία χαμηλής και υψηλής διαφοροποίησης καθώς και με και καρκίνο του τραχήλου της μήτρας, ως συνέχεια της παρούσας διδακτορικής διατριβής. Ακόμη, για τις πρωτεΐνες LIM domain and actin-binding protein 1, Importin subunit alpha-1 και Ras GTPase-activating protein-binding protein 1 έχουν σχεδιαστεί και πειράματα λειτουργικής διερεύνησης. Εν κατακλείδι, αποτελέσματα της παρούσας διδακτορικής διατριβής παρέχουν νέες γνώσεις για τους μοριακούς μηχανισμούς και τους βασικούς ρυθμιστές της καρκινογένεσης του τραχήλου της μήτρας και μπορούν να αποτελέσουν τη βάση για περαιτέρω έρευνες και προσεγγίσεις της βιολογίας

συστημάτων και να συμβάλουν στην ανακάλυψη βιοδεικτών και στην αναγνώριση νέων φαρμακευτικών στόχων.

Περίληψη (Αγγλική γλώσσα)

Cervical cancer is the fourth most common and most lethal type of cancer in women, worldwide. Prophylactic vaccination and regular screening have marked a decline on incidents, however the disease still accounts for a significant number of deaths and the available therapeutic approaches affect patients' fertility. The purpose of this doctoral dissertation is the use of proteomic techniques in combination with bioinformatics and literature mining for the discovery of novel proteins involved in cervical cancer pathology with the aim of better understanding of the molecular mechanisms underlying the malignancies formation. To approach the goal, four cell lines, representative of the most common HPV infections (HeLa - HPV 18, SiHa - HPV 16), HPV-free cervical cancer (C33A) as well as normal cervical keratinocytes (HCK1T) were used. Analysis of the protein extracts was performed based on the GeLC-MS/MS protocol and provided a satisfactory number of protein identifications (2,500-3,500 proteins per cell line) with a very good reproducibility. The differentially expressed proteins that resulted from the comparison of each cervical cancer cell line with the normal keratinocytes were ~800-1,400 per comparison, and they provide useful information on the deregulation of signaling pathways and important molecules in cervical cancer. Bioinformatics analysis of the differentially expressed proteins validated the specificity of the identifications and the accuracy of the measurements as the deregulated molecular pathways are associated with the high metabolic demands and increased cell cycle that are known to occur in cancer cells. For the shortlisting of interesting proteins for further investigation, 105 differentially expressed proteins that followed the

same expression trend in the three comparisons (HeLa/HCK1T, SiHa/CK1T και C33A/HCK1T) were chosen and extensively investigated in the literature. The proteins that were not studied in the context of cervical cancer before but have data on other types of cancers with similar expression trend as in the present study, are in total 21 and constitute the basis for further investigation and experiments. In addition, after a deeper investigation, 7 of these proteins were chosen (LIM domain and actin-binding protein 1, Importin subunit alpha-1, Serum paraoxonase/arylesterase 2, Elongation factor 1-alpha 2, Caprin-1, Mitochondrial import receptor subunit TOM34, Ras GTPase-activating protein-binding protein 1) for immunohistochemistry experiments on cervical specimens from healthy participants and patients with low and high grade squamous intraepithelial lesions and cervical cancer, as a next step to the present doctoral dissertation. Furthermore, functional investigation experiments for the proteins LIM domain and actin-binding protein 1, Importin subunit alpha-1 και Ras GTPase-activating protein-binding protein have been designed. In conclusion, the results of this doctoral dissertation provide novel knowledge on the molecular mechanisms and the key regulators of cervical carcinogenesis and can be the basis for further investigations through systems biology approaches and contribute in the discovery of biomarkers and the identification of novel therapeutic targets.

ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Δημογραφικά στοιχεία για τον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας

Ο καρκίνος του τραχήλου της μήτρας αποτελεί την τέταρτη πιο συχνή και την τέταρτη πιο θανατηφόρα μορφή καρκίνου στις γυναίκες παγκοσμίως, με 570.000 περιστατικά και 311.000 θανάτους να εκτιμώνται για το 2018 παγκοσμίως. Ο καρκίνος του τραχήλου της μήτρας είναι δεύτερος σε επίπτωση και θνησιμότητα μετά τον καρκίνο του μαστού σε χώρες με χαμηλότερο δείκτη ανθρώπινης ανάπτυξης, ενώ αποτελεί τον πιο συχνά διαγνωσμένο τύπο καρκίνου σε 28 χώρες και είναι η κύρια αιτία θνησιμότητας σε 42 χώρες, η πλειοψηφία των οποίων είναι χώρες της υποσαχάριας Αφρικής και της νοτιοανατολικής Ασίας. Μάλιστα, τα υψηλότερα ποσοστά εμφάνισης και θνησιμότητας παρατηρούνται στη Αφρική, με αύξηση στη νότια Αφρική (π.χ. Σουαζιλάνδη, με τα υψηλότερα ποσοστά επίπτωσης), στην ανατολική Αφρική (Μαλάουι, με τα υψηλότερα ποσοστά θνησιμότητας) και στη δυτική Αφρική (Γουινέα, Μπουρκίνα Φάσο και Μάλι). Σε σχετικούς όρους, τα ποσοστά αυτά είναι 7 έως 10 φορές χαμηλότερα σε βόρεια Αμερική, Αυστραλία/Νέα Ζηλανδία και Δυτική Ασία (Σαουδική Αραβία και Ιράκ) [1].

Κατά τις τελευταίες δεκαετίες, η επίπτωση και η θνησιμότητα του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας έχουν σημειώσει μείωση σε πολλούς πληθυσμούς παγκοσμίως. Πέρα από τον προληπτικό έλεγχο (όπου αυτός υπάρχει), αυτές οι μειώσεις έχουν αποδοθεί σε παράγοντες που συνδέονται είτε με την αύξηση των μέσων κοινωνικοοικονομικών

επιπέδων είτε με μείωση των επίμονων μολύνσεων από τον ιό των ανθρώπινων κονδυλωμάτων HPV (Human Papilloma Virus), που προέκυψαν έπειτα από βελτιώσεις στην υγιεινή των γεννητικών οργάνων και την ανισότητα των φύλων και μείωση του επιπολασμού των σεξουαλικά μεταδιδόμενων νοσημάτων. Οι ευεργετικές δράσεις της εφαρμογής προγραμμάτων κυτταρολογικού ελέγχου των πληθυσμών επιτάχυναν τη μείωση των ποσοστών καρκίνου του τραχήλου της μήτρας σε πολλές χώρες της Ευρώπης και της βόρειας Αμερικής καθώς και στην Αυστραλία/Νέα Ζηλανδία, παρά την παρατήρηση ότι στους περισσότερους από αυτούς τους πληθυσμούς, οι διαδοχικές γενιές γυναικών (που γεννήθηκαν κατά την περίοδο 1930-1950) διατρέχουν όλο και περισσότερο τον κίνδυνο της ασθένειας εξαιτίας της αλλαγής της σεξουαλικής συμπεριφοράς [2, 3]. Εν απουσία αποτελεσματικού ελέγχου, όπως στην ανατολική Ευρώπη και την κεντρική Ασία, έχει παρατηρηθεί ταχεία αύξηση στην πρόωρη θνησιμότητα από τον καρκίνο του τραχήλου στις τελευταίες γενιές [4]. Όσον αφορά την υποσαχάρια Αφρική (και όπου υπάρχουν διαθέσιμα δεδομένα), σταθερή αύξηση των ποσοστών καρκίνου του τραχήλου της μήτρας έχει σημειωθεί και στην Ουγκάντα [5] και τη Ζιμπάμπουε [6].

Η βιολογία του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας

Ο τράχηλος της μήτρας είναι επενδεδυμένος με ένα στρωματοποιημένο πλακώδες επιθήλιο το οποίο καλύπτει τον εξωτράχηλο και με κυλινδρικό επιθήλιο που εκκρίνει βλέννα και είναι χαρακτηριστικό του ενδοτραχηλικού καναλιού. Η μετάβαση μεταξύ αυτών των δύο πληθυσμών κυττάρων ονομάζεται συμβολή πλακώδους και

κυλινδρικού επιθηλίου (squamousocolumnar junction) και αυτή η περιοχή πιστεύεται ότι διατρέχει τον μεγαλύτερο κίνδυνο ιικού νεοπλασματικού μετασχηματισμού. Οι όγκοι που εμφανίζονται στον εξωτράχηλο είναι συνήθως καρκινώματα πλακωδών κυττάρων, τα οποία αντιπροσωπεύουν περίπου το 75% των επιθετικών περιπτώσεων καρκίνου του τραχήλου της μήτρας. Αντίθετα, οι όγκοι που προέρχονται από τον ενδοτράχηλο είναι πιθανότερο να είναι αδενοκαρκινώματα. Αδenoπλακώδη, μικροκυτταρικά ή νευροενδοκρινικά, υδαρή θηλώδη, και διαυγοκυτταρικά καρκινώματα του τραχήλου της μήτρας αποτελούν λιγότερο συχνούς ιστολογικούς υπότυπους.

Η πλειοψηφία των περιπτώσεων καρκίνου του τραχήλου της μήτρας προέρχεται από τη μόλυνση με τον ιό HPV, με το DNA του HPV να ταυτοποιείται σε περίπου 95% κακοήθων τραχηλικών βλαβών. Η πλειοψηφία των μολύνσεων από HPV είναι παροδική και θα εκκαθαριστεί αυθόρμητα. Ωστόσο, σε ορισμένες περιπτώσεις, η επίμονη μόλυνση θα έχει ως αποτέλεσμα την ανάπτυξη προκαρκινικών συνθηκών τραχηλικής ενδοεπιθηλιακής βλάβης ή του αδενοκαρκινώματος επί τόπου (*in situ*). Χωρίς θεραπεία, η μετάβαση από τη δυσπλασία στο διηθητικό καρκίνωμα μπορεί να διαρκέσει από μερικά έτη έως δεκαετίες για να αναπτυχθεί στις περισσότερες γυναίκες. Ωστόσο, σε περίπου 10% των ασθενών, αυτή η μετάβαση μπορεί να συμβεί σε λιγότερο από ένα έτος. Επιπροσθέτως, το αδενοκαρκίνωμα επί τόπου φαίνεται να είναι πιο δύσκολο να ανιχνευθεί στο τεστ Παπανικολάου και αυτό θεωρείται ένας από τους λόγους για την αυξανόμενη συχνότητα εμφάνισης αυτού του υποτύπου καρκίνου του τραχήλου της μήτρας [7, 8].

Διάφοροι παράγοντες έχουν προταθεί για την αύξηση της πιθανότητας εμφάνισης μιας επίμονης μόλυνσης και του επακόλουθου

κακοήθους μετασχηματισμού, συμπεριλαμβανομένων του καπνίσματος, της μακροχρόνιας χρήσης αντισυλληπτικών (από του στόματος αγωγή), τον υψηλό αριθμό εγκυμοσύνων που έφτασαν σε τοκετό, και της συνεπιμόλυνσης με τον ιό του απλού έρπητα τύπου 2 ή τον ιό της ανθρώπινης ανοσοανεπάρκειας. Οι HPV τύποι 16 και 18 αναφέρονται περίπου στο 70% των περιπτώσεων, με τους συνηθέστερους ορότυπους HPV σε γυναίκες με καρκίνο του τραχήλου της μήτρας, κατά φθίνουσα σειρά συχνότητας, να είναι οι 16, 18, 45, 31, 33, 52, 58 και 35 [9].

Ίσως λόγω της σχετικής σπανιότητας του τοπικά προχωρημένου ή μεταστατικού καρκίνου του τραχήλου της μήτρας στον ανεπτυγμένο κόσμο, υπάρχουν μόνο λίγες δημοσιευμένες αναφορές για το μοριακό προφίλ όγκων του τραχήλου της μήτρας για να αναζητηθούν μεταλλάξεις που μπορούν να χρησιμοποιηθούν για φαρμακευτική στόχευση. Το πιο συνηθισμένο εύρημα ήταν ανωμαλίες στο μονοπάτι των phosphatidylinositol 3-kinases (PI3K), όπως αναφέρθηκε από τους Wright και συνεργάτες [10], οι οποίοι χρησιμοποίησαν την πλατφόρμα OncoMap (Dana-Farber Cancer Institute, Boston, Mass) για να εξετάσουν 80 τραχηλικούς όγκους για 1250 μεταλλάξεις σε 139 γονίδια. Εντοπίστηκαν μεταλλάξεις στο γονίδιο *PIK3CA* στο 31% των περιπτώσεων, με βραχύτερους χρόνους επιβίωσης στους ασθενείς με μετάλλαξη [10]. Ωστόσο, η στόχευση αυτού του μονοπατιού για θεραπεία του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας αποδείχθηκε δύσκολη. Η ίδια ερευνητική ομάδα εντόπισε επίσης μεταλλάξεις στο γονίδιο *KRAS* στο 17,5% των αδενοκαρκινωμάτων αλλά σε κανένα από τα καρκινώματα πλακωδών κυττάρων, υποδηλώνοντας ότι αυτοί οι υπότυποι όγκων θα χρειαστούν διαφορετικά είδη στοχευμένων θεραπειών. Οι Ojesina και συνεργάτες πρόσφατα δημοσίευσαν τα

ευρήματα της αλληλούχησης 115 καρκίνων του τραχήλου της μήτρας για την αναζήτηση σωματικών μεταλλάξεων. Εντόπισαν αρκετές νέες σωματικές μεταλλάξεις στα καρκινώματα πλακωδών κυττάρων, συμπεριλαμβανομένων των υποκαταστάσεων E322K στο γονίδιο *MAPK1* (8%), μεταλλάξεις απενεργοποίησης στο γονίδιο *HLA-B* (9%) και μεταλλάξεις στα γονίδια *EP300* (16%), *FBXW7* (15%), *TP53* (5%) και *ERBB2* (6%). Οι σωματικές μεταλλάξεις στα γονίδια *ELF3* (13%) και *CBFB* (8%) βρέθηκαν σε 24 αδenoκαρκινώματα [11].

Μόλυνση από τον ιό HPV

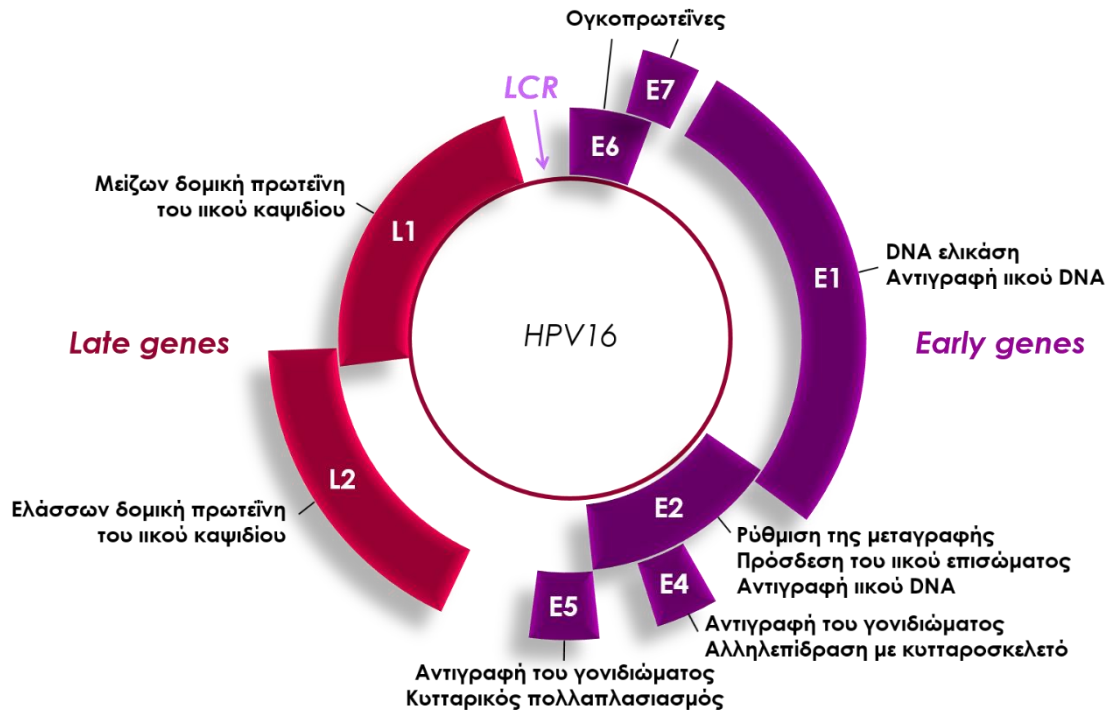
Το γονιδίωμα του ιού HPV

Ο ιός HPV περιέχει ένα δίκλωνο μόριο DNA μήκους περίπου 8000 ζευγών βάσεων [12]. Τα γονίδια βρίσκονται σε έναν κλώνο DNA, ο οποίος είναι μεταγραφικά ενεργός σε δύο ανοιχτά πλαίσια ανάγνωσης. Το γονιδίωμα του HPV χωρίζεται σε 3 διακριτές περιοχές:

1) την περιοχή E (Early) όπου βρίσκονται τα γονίδια που κωδικοποιούν τις πρωτεΐνες E1, E2, E4, E5, E6 και E7. Αυτές είναι υπεύθυνες για τη διατήρηση του ιικού γονιδιώματος μέσα στο κύτταρο, την αντιγραφή του και τον καρκινικό μετασχηματισμό του κυττάρου ξενιστή και εκφράζονται σε όλες τις φάσεις του κυτταρικού κύκλου.

2) την περιοχή L (Late) όπου βρίσκονται τα γονίδια που κωδικοποιούν τις δομικές πρωτεΐνες L1 (μείζων πρωτεΐνη του καψιδίου) και L2 (ελάσσων πρωτεΐνη του καψιδίου).

3) τη μακρά περιοχή ελέγχου LCR (Long Control Region) η οποία παίζει ρυθμιστικό ρόλο στην έκφραση και στην αντιγραφή του ιικού γονιδιώματος [13] (Εικόνα 1).



Εικόνα 1. Το γονιδίωμα του ιού HPV16 και οι επιμέρους περιοχές του.

Οι πρωτεΐνες των περιοχών E1 και E2 είναι υπεύθυνες για την έναρξη της αντιγραφής του ιικού DNA, λόγω της ικανότητάς τους να προσδένονται σε μεταγραφικούς παράγοντες, και παίζουν βασικό ρόλο στην αντιγραφή και τη μεταγραφική ρύθμιση του ιικού γονιδιώματος [12, 14]. Οι πρωτεΐνες της περιοχής E2 προσδένονται σε αλληλουχίες DNA στην περιοχή ελέγχου και έχουν λειτουργία ενεργοποιητή ή καταστολέα της μεταγραφής των ιικών γονιδίων. Η πρωτεΐνη E4 έχει τη δυνατότητα πρόσδεσης σε ινίδια κερατίνης, προκαλώντας αλλαγές στα

κερατινοκύτταρα, και απελευθέρωσης ιικών σωματιδίων από τα κύτταρα, με αποτέλεσμα τη δημιουργία κοιλοκυττάρων (κύτταρα με χαρακτηριστικό φωτεινό δαχτυλίδι γύρω από τον πυρήνα και ξεκάθαρα επισημασμένη κυτταρική μεμβράνη, ως αποτέλεσμα του πολλαπλασιασμού του HPV). Οι πρωτεΐνες E5, E6 και E7 είναι ιικές πρωτεΐνες με ογκογενείς ιδιότητες και είναι υπεύθυνες για τον καρκινικό μετασχηματισμό των κυττάρων. Η πρωτεΐνη E6, συγκεκριμένα, εκδηλώνει πολύ μεγάλο δυναμικό ογκογένειας και μεσολαβεί στην αποικοδόμηση της ογκοκατασταλτικής πρωτεΐνης p53. Η πρωτεΐνη E7 έχει τη δυνατότητα να προσδέσει και να αποικοδομεί μία άλλη ογκοκατασταλτική πρωτεΐνη, το κυτταρικό RB (πρωτεΐνη του ρετινοβλαστώματος) [15, 16].

Τα προϊόντα της περιοχής L είναι οι δομικές πρωτεΐνες του HPV L1 και L2. Σχηματίζουν το ιικό καψίδιο και παράγονται αποκλειστικά από τα διαφοροποιημένα κερατινοκύτταρα. Η πιο σημαντική από αυτές είναι η L1, ενώ η L2 αποτελεί συμπληρωματική πρωτεΐνη του ιικού καψιδίου [12].

Τέλος, η περιοχή LCR είναι μία σημαντική αλλά μη κωδικοποιούσα περιοχή του ιικού DNA και αποτελεί περίπου το 10% του γονιδιώματος του HPV. Η LCR επιτελεί ρυθμιστικές λειτουργίες, επηρεάζοντας τη μεταγραφή των γονιδίων E6 και E7 [17]. Η περιοχή αυτή περιέχει μία αλληλουχία εκκινήτη (p97), στην οποία προσδέεται η RNA πολυμεράση II, αλλά και περιοχές πρόσδεσης για όλους τους ρυθμιστικούς παράγοντες αντιγραφής και μεταγραφής του ιικού γενετικού υλικού. Όλες οι περιοχές LCR του HPV που έχουν μελετηθεί έως σήμερα περιέχουν συγκεκριμένους ενισχυτές που παρέχουν στον ιό ειδικό τροπισμό προς τα κύτταρα του πλακώδους επιθηλίου [13, 18].

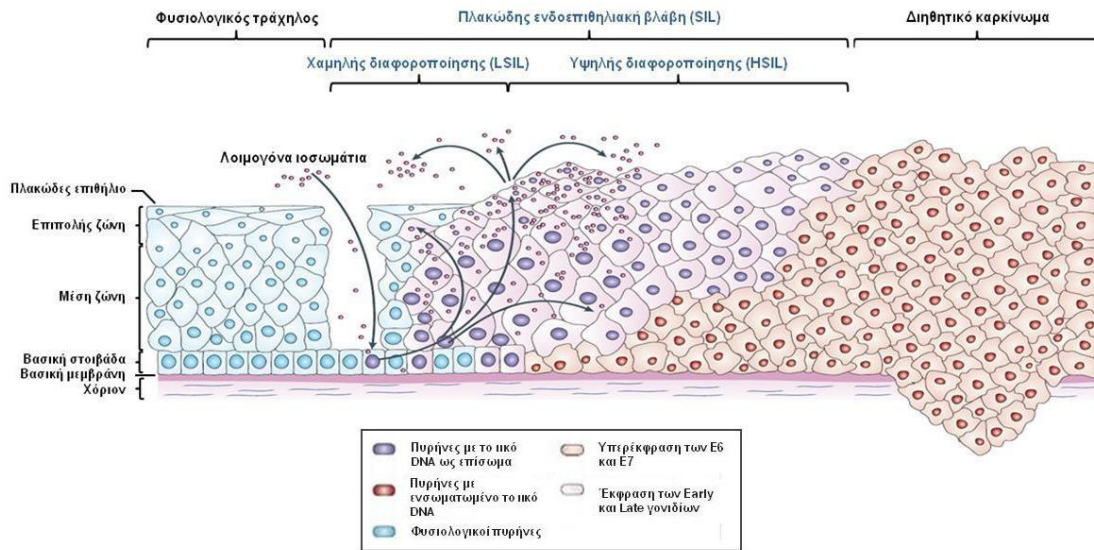
Ο κύκλος ζωής του ιού HPV στο τραχηλικό επιθήλιο

Κατά τη διάρκεια της συνουσίας, μικρές εκδορές στο πλακώδες επιθήλιο του τραχήλου της μήτρας μπορεί να επιτρέψουν στον HPV να εναποτεθεί στη βασική μεμβράνη όπου και προσδένεται. Εκεί ο ιός υπόκειται σε χαλάρωση της διαμόρφωσής του και εισέρχεται στα βασικά κύτταρα μέσω μιας περίπλοκης διαδικασίας ενδοκύττωσης, η οποία διαρκεί περίπου 2-4 ώρες. Μόλις ο ιός εισέλθει στο βασικό κύτταρο, αποσυντίθενται οι πρωτεΐνες του καψιδίου του και το ιικό DNA οδηγείται στον πυρήνα του κυττάρου όπου μένει ανεξάρτητο από το DNA του ξενιστή, σε επισώματα.

Η συναρμολόγηση του ιού πραγματοποιείται στο πλακώδες επιθήλιο και ο ιός απελευθερώνεται από τα διαφοροποιημένα κύτταρα μετά από μία διαδικασία που διαρκεί 3 εβδομάδες, όσο και η ωρίμανση των βασικών σε επιφανειακά κύτταρα. Τα γονίδια E6 και E7 του ιού, που είναι απαραίτητα για τον καρκινικό μετασχηματισμό, εκφράζονται και στα χαμηλότερα αλλά και στα υψηλότερα στρώματα του επιθηλίου. Οι δομικές πρωτεΐνες L1 και L2, παράγονται και συναρμολογούνται μέσα σε λοιμογόνα σωματίδια και απελευθερώνονται μόνο από τα διαφοροποιημένα κύτταρα της επιπολούς ζώνης [19].

Σε μια μειονότητα των περιπτώσεων, το ιικό DNA μπορεί να ενσωματωθεί στο DNA του ξενιστή, διακόπτοντας στο γονίδιο E2 και επιτρέποντας έτσι στο κυκλικό μόριο να γίνει γραμμικό. Η διακοπή αυτή του γονιδίου E2 προκαλεί παύση της ιικής σύνθεσης και απορύθμιση της έκφρασης των γονιδίων E6 και E7. Η E6 προσδένεται και αποικοδομεί το p53 ενώ η E7 απενεργοποιεί το γονίδιο του ρετινοβλαστώματος. Τα γονίδια των p53 και ρετινοβλαστώματος είναι ογκοκατασταλτικά και η

καταστολή ή αποικοδόμηση των προϊόντων τους οδηγεί σε παρεμπόδιση της απόπτωσης και ανεξέλεγκτο κυτταρικό πολλαπλασιασμό, που τελικά μπορούν να οδηγήσουν σε καρκίνο [20] (Εικόνα 2).



Εικόνα 2. Η πορεία της μόλυνσης από τον ιό HPV και η εξέλιξη των προκαρκινικών βλαβών του τραχηλικού επιθηλίου σε διηθητικό καρκίνωμα (εικόνα προσαρμοσμένη από Woodman et al., Nature Reviews Cancer 7, 11-22, January 2007).

Πρωτογενής πρόληψη του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας

Εφαρμοσμένες προσεγγίσεις

Η μόλυνση από τον ιό HPV στον τράχηλο της μήτρας, που πιστεύεται ότι εμφανίζεται στην πλειοψηφία των γυναικών κάποια στιγμή στη ζωή τους, είναι η πιο διαδεδομένη μόλυνση μετά την έναρξη της σεξουαλικής δραστηριότητας. Όπως αναφέρθηκε προηγουμένως, στην πλειονότητα των περιπτώσεων, η μόλυνση αυτή εκκαθαρίζεται από το ανοσοποιητικό σύστημα. Ωστόσο, σε μια σημαντική μειοψηφία ατόμων,

η μόλυνση αυτή είναι επίμονη και οδηγεί σε μια γενετική δυσλειτουργία που προκαλείται σε μεγάλο βαθμό από τα ογκογονίδια του HPV E6 και E7. Η ιδέα πίσω από τον προφυλακτικό εμβολιασμό είναι η παραγωγή σε πολύ υψηλά επίπεδα αντισωμάτων εξουδετέρωσης ειδικά για κάθε τύπο HPV που στρέφονται κατά του ιού και είναι ικανά να αποτρέψουν την μόλυνση του τραχήλου της μήτρας. Η κρίσιμη ανακάλυψη που οδήγησε στα εμβόλια που έχουμε σήμερα είναι ότι η κύρια πρωτεΐνη του ιικού καψιδίου του HPV, L1, θα μπορεί να αυτοσυναρμολογηθεί στα λεγόμενα VLPs (virus-like particles: σωματίδια που μοιάζουν με τον ιό), τα οποία έχουν αποδειχθεί ιδιαίτερα ανοσογόνα [21].

Δύο προφυλακτικά εμβόλια για τον HPV τύπου VLP, το Gardasil R (Merck & Co, New Jersey, ΗΠΑ), τετραδύναμο εμβόλιο που περιέχει VLPs των τύπων 6, 11, 16 και 18, και το Cervarix R (GlaxoSmithKline Biologicals, Βέλγιο, ένα δισθενές εμβόλιο που περιέχει VLPs των τύπων 16 και 18 έχουν εγκριθεί και έχουν λάβει άδεια σε περισσότερες από 100 χώρες από το 2006 καθώς έχουν εισαχθεί σε εθνικά προγράμματα ανοσοποίησης σε τουλάχιστον 58 χώρες [22].

Και τα δύο αυτά εμβόλια ελέγχθηκαν αυστηρά, αρχικά στις κλινικές δοκιμές φάσης 1 και φάσης 2 και στη συνέχεια σε κλινικές δοκιμές φάσης 3 [23, 24]. Οι δοκιμές αυτές διεξήχθησαν μεταξύ ομάδων ασθενών ηλικίας 15 έως 26 ετών και έδειξαν πολύ υψηλά επίπεδα τυπο-ειδικών αντισωμάτων, πολύ υψηλή αποτελεσματικότητα (>95%) στην πρόληψη της μόλυνσης από τον ιό HPV και παρόμοια αποτελεσματικότητα στην πρόληψη τυπο-ειδικής τραχηλικής ενδοεπιθηλιακής βλάβης, καθώς και βλαβών του κόλπου και του αιδοίου. Και τα δύο εμβόλια απέδειξαν αξιοσημείωτα υψηλή και παρόμοια αποτελεσματικότητα και είναι σε θέση να αποτρέψουν έως και 90-100% των νέων λοιμώξεων από HPV τύπους

16 και 18 και των σχετιζόμενων τραχηλικών ενδοεπιθηλιακών βλαβών υψηλού βαθμού [25, 26]. Σταθερά υψηλά επίπεδα ανοσογονικότητας, 9,4 έτη μετά τον εμβολιασμό με το δισθενές εμβόλιο, παρατηρήθηκαν για κάθε τύπο HPV στο εμβόλιο [27, 28]. Μερική διασταυρούμενη προστασία κατά φυλογενετικά σχετιζόμενων τύπων HPV (εκτός εμβολίων) παρατηρήθηκε και για δύο εμβόλια [27]. Ωστόσο, τα δεδομένα από αυτές τις δοκιμές έδειξαν ότι τα εμβόλια ήταν αναποτελεσματικά σε γυναίκες που είχαν ήδη καθιερωμένη μόλυνση από τον ιό HPV. Επιπλέον, ο εμβολιασμός των αγοριών πριν από τη σεξουαλική δραστηριότητα σε ηλικία 11 έως 12 ετών συνιστάται από την Αμερικανική Ακαδημία Παιδιατρικής για την πρόληψη καρκίνων που προκαλούνται από HPV του στοματοφάρυγγα, του πρωκτού και του πέους [8].

Οι περισσότερες ανεπτυγμένες χώρες έχουν ήδη εισαγάγει προγράμματα εμβολιασμού για κορίτσια πριν την εφηβεία και υπάρχουν κάποια πρώτα στοιχεία σχετικά με το όφελος του εμβολιασμού κατά του HPV για τη δημόσια υγεία τα οποία δείχνουν μείωση της συχνότητας εμφάνισης μόλυνσης με τύπους HPV υψηλού κινδύνου, μειωμένη συχνότητα εμφάνισης τραχηλικών ενδοεπιθηλιακών βλαβών και ακόμη και μείωση των κονδυλωμάτων των γεννητικών οργάνων σε άνδρες που δεν έχουν εμβολιαστεί. Αυτά τα δεδομένα παρέχουν μια σαφή ένδειξη της προστασίας του συνόλου του πληθυσμού από τον εμβολιασμό [8].

Πρόσφατες εξελίξεις

Τα αρχικά σχήματα εμβολιασμού βασίστηκαν σε 3 δόσεις, που χορηγούνται στους χρόνους 0, 2 μήνες και 6 μήνες. Πρόσφατα, σχήματα 2 δόσεων έχουν αποδειχθεί ότι είναι εξίσου αποτελεσματικά με τις 3 δόσεις [29], εφόσον η δεύτερη δόση χορηγείται 6 μήνες έως 12 μήνες μετά την

αρχική δόση. Για παράδειγμα, στο Ηνωμένο Βασίλειο, ένα δοσολογικό σχήμα 2 δόσεων αντικατέστησε το σχήμα 3 δόσεων, σε πρόγραμμα που χρηματοδοτείται από δημόσιους πόρους, και επιτυγχάνει ποσοστά κάλυψης από 85% έως 90%. Μια άλλη εξέλιξη ήταν η παραγωγή ενός εννια-σθενούς εμβολίου που προσθέτει τους HPV τύπους 31, 33, 45, 52 και 58 στο εμβόλιο που περιέχει τύπους 6, 11, 16 και 18. Αυτό το εμβόλιο έχει δειχθεί σε κλινικές μελέτες φάσης 3 να επιτυγχάνει παρόμοια αποτελεσματικότητα ενάντια στους HPV τύπους 6, 11, 16 και 18 πέρα από την επίτευξη υψηλής αποτελεσματικότητας έναντι των νέων τύπων [30, 31]. Το εννια-σθενές εμβόλιο έχει λάβει άδεια σε ορισμένες χώρες, συμπεριλαμβανομένων των Ηνωμένων Πολιτειών και του Ηνωμένου Βασιλείου [32], και μπορεί να αντικαταστήσει το δισθενές και το τετρασθενές εμβόλιο στα επόμενα έτη [33, 34].

Εμβολιασμός σε χώρες χαμηλού ή μεσαίου εισοδήματος

Τα αποτελέσματα των κλινικών δοκιμών μέχρι σήμερα υποστηρίζουν τη δυνατότητα των εμβολίων να μειώσουν το φορτίο του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας με την εφαρμογή εμβολιασμών στη δημόσια υγεία. Η πλειοψηφία όμως της πρόσληψης εμβολίων για τον HPV εντοπίζεται κυρίως σε χώρες με υψηλό εισόδημα οι οποίες φέρουν το μικρότερο φορτίο καρκίνου του τραχήλου της μήτρας [35].

Η εισαγωγή των εμβολίων HPV σε χώρες και χαμηλό ή μεσαίο εισόδημα παρουσιάζει παρόμοιες προκλήσεις με εκείνες που αντιμετωπίζει η εφαρμογή προγραμμάτων διάγνωσης του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας, δηλαδή η παρουσία οικονομικών και υλικοτεχνικών περιορισμών καθώς και ανησυχίες σχετικά με τη συμμετοχή των στοχευόμενων ηλικιακών ομάδων. Ο εμβολιασμός κατά του HPV του

70% του πληθυσμού αναμένεται να έχει ως αποτέλεσμα 40-50% μείωση του κινδύνου καρκίνου του τραχήλου της μήτρας κατά τη διάρκεια της ζωής [36].

Το υψηλό κόστος των εμβολίων, η απουσία των απαραίτητων μέσων αποθήκευσης και μεταφοράς των εμβολίων, η χορήγηση ενέσιμου εμβολίου ευαίσθητου στη θερμοκρασία και η δημιουργία κατάλληλων μέσων για την παροχή εμβολίων αποκλείουν την εισαγωγή των εμβολίων κατά του HPV σε χώρες και χαμηλό ή μεσαίο εισόδημα [37].

Η Παγκόσμια Συμμαχία για τα Εμβόλια και την Ανοσοποίηση (GAVI) έχει ενισχύσει τις προσπάθειες για τη διευκόλυνση της εισαγωγής του εμβολιασμού κατά του HPV σε χώρες και χαμηλό ή μεσαίο εισόδημα μέσω διατάξεων για την προμήθεια εμβολίου HPV στην ιδιαίτερα χαμηλή τιμή των 4,50 δολαρίων Αμερικής ανά δόση για το Gardasil και των 4,60 δολαρίων Αμερικής ανά δόση για το Cervarix. Το κόστος και οι απαιτούμενες υποδομές μπορούν εν μέρει να περιοριστούν περαιτέρω στην περίπτωση εφαρμογής σχημάτων 2 δόσεων [37].

Δεδομένου ότι οι αναπτυσσόμενες χώρες χαμηλού ή μεσαίου εισοδήματος δεν είναι επιλέξιμες για στήριξη από το GAVI, οι χώρες που επιθυμούν να εισαγάγουν εμβόλια με περιορισμένους πόρους πρέπει να βασίζονται σε ευνοϊκές διαπραγματεύσεις και μαζικές αγορές με διεθνείς κατασκευαστές, οι οποίες μπορεί ακόμη να μην είναι οικονομικά αποδοτικές. Εάν η παραγωγή εμβολίων μπορεί να γίνει αποκεντρωμένη, η τοπική παρασκευή εμβολίων όχι μόνο θα μειώσει το κόστος αλλά και θα αυξήσει την τοπική προσφορά όπως διαπιστώθηκε για τα εμβόλια της ηπατίτιδας Β. Η τοπική παραγωγή είναι πιθανό να ενθαρρύνει την

ενσωμάτωση αυτών των εμβολίων σε εθνικά προγράμματα εμβολιασμού, τουλάχιστον στις χώρες παραγωγής [38].

Επιπροσθέτως, η παράδοση των εμβολίων κατά του HPV μέσω των σχολείων, των κέντρων υγείας, της υφιστάμενης παροχής άλλων παρεμβάσεων στον τομέα της υγείας μέσω των κοινοτήτων, συμπεριλαμβανομένης της ανίχνευσης του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας, θα ωφελήσει θετικά το πρόγραμμα πρόληψης του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας στις χώρες με χαμηλό ή μεσαίο εισόδημα. Συγκεκριμένα, θα επιτευχθεί ο εμβολιασμός της απαιτούμενης ηλικιακής ομάδας, συμπεριλαμβανομένων και ατόμων που έχουν παρατήσει το σχολείο [39, 40].

Η ταυτόχρονη χορήγηση του εμβολίου κατά του HPV με άλλα εμβόλια είναι ένα άλλο μέτρο που μπορεί να απλοποιήσει τη χορήγηση του εμβολίου για τις ήδη υπερφορτωμένες δομές υγειονομικής περίθαλψης στις αναπτυσσόμενες χώρες χαμηλού ή μεσαίου εισοδήματος. Η ταυτόχρονη χορήγηση με εμβόλια τα οποία χορηγούνται συνήθως σε εφήβους και μάλιστα έχουν αποδειχθεί ασφαλή και αποτελεσματικά, όχι μόνο θα διευκολύνει τη χορήγηση του εμβολίου, αλλά θα συμβάλει επίσης στη μείωση του συνολικού αριθμού επισκέψεων στις κλινικές [41, 42].

Ο συνδυασμός του εμβολιασμού των κοριτσιών με τον έλεγχο των μητέρων σε ένα ενιαίο πρόγραμμα μπορεί να είναι ακόμη μια αποτελεσματική και οικονομικά αποδοτική στρατηγική, καθώς η συμμετοχή των μητέρων στο πρόγραμμα προληπτικού ελέγχου του τραχήλου είναι γνωστό ότι επηρεάζει θετικά την εφαρμογή εμβολιασμού κατά του HPV των θυγατέρων [39].

Δευτερογενής πρόληψη του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας

Κυτταρολογικός έλεγχος

Οι προκαρκινικές βλάβεις του τράχηλου δεν προκαλούν συμπτώματα και μπορούν να ανιχνευθούν μόνο με την εφαρμογή του κατάλληλου τεστ στα πλαίσια του προληπτικού ελέγχου στην κλινική πρακτική. Ο σκοπός του προληπτικού ελέγχου του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας είναι η ανίχνευση των υψηλού βαθμού βλαβών στις ασυμπτωματικές γυναίκες, η θεραπεία τους και η αποτροπή προόδου σε διηθητικό καρκίνο. Η μέση ηλικία κατά την ανίχνευση τραχηλικών ενδοεπιθηλιακής βλάβης (CIN: Cervical Intraepithelial Neoplasia) βαθμού 2 είναι περίπου τα 35 έτη και για CIN 3 είναι τα 40 έτη. Ως εκ τούτου, η πιθανότητα ανίχνευσης βλαβών υψηλού βαθμού είναι υψηλότερη αν οι γυναίκες υποβληθούν σε εξέταση μεταξύ 35 και 45 ετών [43]. Οι διηθητικοί καρκίνοι είναι σπάνιοι πριν από την ηλικία των 30 ετών και ο έλεγχος των γυναικών πολύ νεαρών γυναικών οδηγεί στον εντοπισμό και την περαιτέρω θεραπεία βλαβών χαμηλού βαθμού που θα υποχωρήσουν από μόνες τους. Βάσει αυτών των στοιχείων, ο Παγκόσμιος Οργανισμός Υγείας (ΠΟΥ) συνέστησε την έναρξη του προληπτικού σε ηλικία 30 ετών στις αναπτυσσόμενες χώρες [44]. Πολλές από τις αναπτυγμένες χώρες με καθιερωμένα προγράμματα ελέγχου αυξάνουν επίσης την ηλικία έναρξης της εξέτασης στα 25 έτη [45]. Όλες οι σεξουαλικά ενεργές γυναίκες που έχουν μολυνθεί από τον ιό HIV θα πρέπει να εξετάζονται για καρκίνο του τραχήλου της μήτρας αμέσως μετά τη διάγνωσή τους με HIV, λόγω της επιθετικής φύσης της

νεοπλασματικής διαδικασίας του τραχήλου της μήτρας σε αυτές τις γυναίκες.

Λόγω της ανατομικής προσβασιμότητάς του, ο τράχηλος μπορεί εύκολα να απεικονιστεί και η λήψη δειγμάτων από τον τράχηλο είναι σχετικά απλή και ανώδυνη. Η πρώτη και η πιο ευρέως χρησιμοποιούμενη μέθοδος εξέτασης για τον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας ακόμα έως και σήμερα είναι η κυτταρολογική εξέταση Παπανικολάου (τεστ Παπ). Η μέθοδος περιλαμβάνει τη μικροσκοπική εξέταση των κυττάρων που συλλέγονται από τη ζώνη μετασχηματισμού του τραχήλου της μήτρας και του ενδοτράχηλου και την χρώση τους με χρώση Παπ. Ανάλογα με τη σοβαρότητα των βλαβών, οι γυναίκες με μη φυσιολογική κυτταρολογία συνιστούν περαιτέρω αξιολόγηση με κολποσκόπηση, επανάληψη της κυτταρολογικής εξέτασης ή εξέταση ανίχνευσης HPV (HPV τεστ). Η κυτταρολογία έγινε αποδεκτή ως εργαλείο ελέγχου σε πολλές χώρες τις δεκαετίες του 1960 και του 1970 χωρίς καμία επίσημη αξιολόγηση μέσω τυχαιοποιημένων δοκιμών. Πιο πειστικά αποδεικτικά στοιχεία που υποστηρίζουν την αποτελεσματικότητά της στη μείωση της συχνότητας και της θνησιμότητας του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας παράχθηκαν από μελέτες παρατήρησης σε διάφορες χώρες που εισήγαγαν διαγνωστικούς ελέγχους πληθυσμών βασισμένους στην κυτταρολογική εξέταση. Ωστόσο, δεν παρατηρήθηκε παρόμοια επίδραση της μεθόδου ελέγχου σε πολλές άλλες χώρες όπως η Βραζιλία και το Μεξικό. Ακόμη και μετά από πολλές δεκαετίες εφαρμογής του προληπτικού ελέγχου που βασίζεται στην κυτταρολογική εξέταση, κυρίως λόγω της χαμηλής κάλυψης του πληθυσμού και της ανεπαρκούς οργάνωσης των προγραμμάτων, η χαμηλή ευαισθησία της κυτταρολογικής εξέτασης ήταν ο υπεύθυνος παράγοντας [46, 47]. Η

χαμηλή ευαισθησία της κυτταρολογικής εξέτασης επίσης ήταν η αιτία που ο συστηματικός έλεγχος των διηθητικών καρκίνων στα καλά οργανωμένα προγράμματα στις ανεπτυγμένες χώρες αποκάλυψε υψηλά ποσοστά ψευδώς θετικών αποτελεσμάτων, είτε λόγω προβλημάτων δειγματοληψίας είτε λόγω σφάλματος ερμηνείας [48, 49]. Μια μελέτη επιπολασμού σε πολλά κέντρα υγείας στην Ινδία αξιολόγησε τα χαρακτηριστικά ελέγχου της συμβατικής κυτταρολογίας σε 10.591 γυναίκες ηλικίας μεταξύ 25 και 65 ετών [50]. Όλες οι συμμετέχουσες στη μελέτη (ανεξαρτήτως των αποτελεσμάτων των ελέγχων) υποβλήθηκαν σε κολποσκόπηση για να διαπιστωθεί η πραγματική κατάσταση της νόσου και να ελαχιστοποιηθεί η μεροληψία της επαλήθευσης. Η παρατηρηθείσα ευαισθησία της κυτταρολογίας για την ανίχνευση της CIN 2 ή των χειρότερων βλαβών (CIN 2+) με κατώτατο όριο τα άτυπα πλακώδη κύτταρα αδιευκρίνιστης σημασίας (ASCUS: atypical squamous cells of undetermined significance) ήταν μόνο 65%. Ακόμη και σε μελέτες που διεξήχθησαν σε χώρες της Βόρειας Αμερικής και της Ευρώπης με καλά οργανωμένα προγράμματα κυτταρολογικής εξέτασης (συνολικό μέγεθος δείγματος: ~ 60.000), η ευαισθησία της κυτταρολογίας για την ανίχνευση αλλοιώσεων CIN2+ ήταν πολύ μεταβλητή, κυμαινόμενη από 18,6% έως 76,7% και κατά μέσο όρο μόνο 53,0% [51]. Ωστόσο, η ειδικότητα της κυτταρολογικής εξέτασης ήταν σταθερά υψηλή στις μελέτες αποτελεσματικότητας (92,0% στην Ινδική μελέτη και 96,3% στη μελέτη της Βόρειας Αμερικής και της Ευρώπης για την ανίχνευση της CIN2+).

Η κυτταρολογία με βάση το υγρό (LBC: liquid-based cytology) βελτιώνει την ποιότητα των επιχρισμάτων, γεγονός που επιτρέπει την ταχύτερη ανάγνωση των πλακιδίων και μειώνει την αναλογία ανεπαρκών επιχρισμάτων. Ωστόσο, δεν παρατηρήθηκε σημαντική διαφορά στην

ευαισθησία μεταξύ LBC και συμβατικής κυτταρολογίας σε μια συστηματική ανασκόπηση και μετα-ανάλυση οκτώ μελετών επιπολασμού και μιας τυχαιοποιημένης κλινικής δοκιμής [52].

Παρά την ανεπαρκή ευαισθησία της, η κυτταρολογική εξέταση ήταν αποτελεσματική στη μείωση της συχνότητας και της θνησιμότητας του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας στις αναπτυσσόμενες χώρες λόγω της επανειλημμένης εφαρμογής του τεστ στον ίδιο πληθυσμό κάθε 1 με 3 έτη. Στις χώρες χαμηλού ή μεσαίου εισοδήματος τέτοιου είδους επαναλαμβανόμενες εξετάσεις δεν είναι εφικτές και απαιτείται κάποιο τεστ με μεγαλύτερη ευαισθησία. Υπάρχουν πολλά προβλήματα στον τομέα της οργάνωσης της κυτταρολογίας σε περιοχές με περιορισμένους πόρους, όπως η έλλειψη εκπαιδευμένων τεχνικών ή παθολόγων, οι δυσκολίες στην εφαρμογή αυστηρού ελέγχου ποιότητας, η απουσία εργαστηριακών υποδομών κ.ά. Ένα άλλο μειονέκτημα της κυτταρολογικής εξέτασης είναι ότι η αναφορά των αποτελεσμάτων χρειάζεται λίγες εβδομάδες έως μήνες, ανάλογα με το φόρτο εργασίας του εργαστηρίου. Ο εντοπισμός των γυναικών που είναι θετικές στο τεστ, η παράδοση των αποτελεσμάτων σε αυτές και η ανάκλησή τους σε περαιτέρω αξιολόγηση και θεραπεία μπορεί να είναι αρκετά δύσκολη περιοχές χαμηλών πόρων [45].

HPV ΤΕΣΤ

Λαμβάνοντας υπόψη τους περιορισμούς της κυτταρολογίας, έχουν αξιολογηθεί διάφορες εναλλακτικές μέθοδοι ελέγχου για τον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας. Οι πιο ελπιδοφόρες από αυτές είναι οι τεχνολογίες ανίχνευσης HPV. Τα εμπορικά διαθέσιμα HPV τεστ ανιχνεύουν είτε το ιικό DNA είτε το mRNA των E6 και E7 ογκοπρωτεϊνών των πλέον

ογκογόνων τύπων HPV. Το DNA ή το mRNA ανιχνεύεται με ενίσχυση σήματος χημειοφωταύγειας ή πολλαπλασιασμό στοχευμένης αλληλουχίας νουκλεϊνικών οξέων με τεχνικές αλυσωτής αντίδρασης πολυμεράσης (PCR), χρησιμοποιώντας εκκινητές για το γονίδιο L1. Ορισμένες από τις νέες τεχνολογίες χρησιμοποιούν την πλατφόρμα μικροσυστοιχειών (microarray) την υβριδοποίηση των προϊόντων PCR σε ένα τσιπ και την ανίχνευση των υβριδοποιημένων σημάτων με σαρωτή DNA τσιπ. Ένας μεγάλος αριθμός τυχαιοποιημένων και μη τυχαιοποιημένων μελετών συνέκρινε την ευαισθησία και την ειδικότητα των HPV τεστ και της κυτταρολογικής εξέτασης (μερικές από αυτές τις μελέτες ήταν σε περιοχές χαμηλών πόρων). Σε μία μετα-ανάλυση των μελετών επιπολασμού παρατηρήθηκε ότι οι ευαισθησία του HPV τεστ ήταν 90,4% και 95,3% για την ανίχνευση των αλλοιώσεων CIN 2+ και CIN 3, αντίστοιχα [53]. Σε όλες τις μελέτες επιπολασμού που συγκρίνουν το HPV τεστ με την κυτταρολογική εξέταση, το HPV τεστ είχε πολύ υψηλότερη ευαισθησία, αν και η ειδικότητα του ήταν σταθερά χαμηλότερη από αυτή της κυτταρολογικής εξέτασης. Λόγω της χαμηλότερης ειδικότητας του HPV τεστ, μπορεί να γίνει μια δεύτερη εξέταση στις γυναίκες που είναι θετικές σε HPV (τεστ ταξινόμησης) για να εντοπιστούν όσες βρίσκονται σε υψηλότερο κίνδυνο να νοσήσουν και να παραπεμφθούν για κολποσκόπηση μόνο όσες είναι θετικές και στα δύο τεστ. Το τεστ Παπ είναι το συχνότερα χρησιμοποιούμενο τεστ ταξινόμησης αν και η γονοτύπηση των HPV τύπων 16 και 18, οι δείκτες μεθυσίωσης, η ανίχνευση mRNA των E6 και E7 και ο μακροσκοπικός έλεγχος μετά από εφαρμογή οξικού οξέος (VIA: visual inspection after acetic acid application) συνιστώνται επίσης για την εκτίμηση κινδύνου [54].

Ο ταυτόχρονος έλεγχος με HPV τεστ και με κυτταρολογική εξέταση έχει ελάχιστο πλεονέκτημα έναντι της ανίχνευσης μόνο με το HPV τεστ. Η μετα-ανάλυση των μελετών επιπολασμού έδειξε μια ισχνή (5%) αύξηση της ευαισθησίας των παράλληλων εξετάσεων για την ανίχνευση της CIN 2+ με σημαντική μείωση της ειδικότητας και αύξηση των παραπομπών για κολποσκόπηση [53].

Εκτός από την υψηλή ευαισθησία, άλλα πλεονεκτήματα του HPV τεστ είναι ότι η διάγνωση είναι αντικειμενική, μεγάλος αριθμός δειγμάτων μπορεί να υποβληθεί ταυτόχρονα σε επεξεργασία, οι απαιτήσεις εκπαίδευσης του υπεύθυνου προσωπικού είναι χαμηλές και μερικές από τα τεστ μπορούν να δώσουν τα αποτελέσματα σε 1 ώρα. Ωστόσο, το HPV τεστ εξακολουθεί να είναι αρκετά δαπανηρό για να το αντέξουν οικονομικά πολλές χώρες χαμηλού ή μεσαίου εισοδήματος [45].

Μακροσκοπικός έλεγχος

Ο VIA έχει εκτιμηθεί εκτενώς ως μια απλή, κατάλληλη και φθηνή μέθοδος ελέγχου του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας, κατάλληλη για περιοχές με περιορισμένους πόρους. Η αρχή της μεθόδου βασίζεται στο γεγονός ότι οι νεοπλασματικές βλάβες του τράχηλου γίνονται λευκές μετά από εφαρμογή 3-5% οξικού οξέος για 1 λεπτό και η πυκνότητα και τα χαρακτηριστικά της οξυλευκανσης εξαρτώνται από τη σοβαρότητα των βλαβών. Οι κλινικοί και οι μη κλινικοί πάροχοι (νοσηλεύτες, μαίες και εργαζόμενοι στον τομέα της υγείας) μπορούν να εκπαιδευτούν ώστε να ανιχνεύουν τις αλλαγές με γυμνό μάτι χρησιμοποιώντας απλά καλό φωτισμό. Μια μετα-ανάλυση 26 μελετών πραγματοποιήθηκε για την εκτίμηση ακρίβειας του VIA [55]. Κάθε μία από αυτές τις μελέτες διεξήχθη σε χώρες με χαμηλό ή μεσαίο εισόδημα και η μεροληψία επαλήθευσης

εξαλήφθηκε με την εφαρμογή κολποσκόπησης (και βιοψίας εάν ήταν απαραίτητο) σε όλες τις γυναίκες που συμμετείχαν. Παρατηρήθηκε ευαισθησία 80%, εξειδίκευση 92,0%, θετική προγνωστική αξία 10,0% και αρνητική προγνωστική αξία 99,9% για τη VIA. Ωστόσο, η ευαισθησία του VIA μπορεί να έχει διογκωθεί σε αυτές τις μελέτες επειδή η κολποσκόπηση μπορεί να χάσει έως το 25% των CIN 2+ [56]. Η χρήση της μεγέθυνσης δεν βελτιώνει την ακρίβεια του VIA.

Η ευαισθησία του VIA είναι μικρότερη στις μετεμμηνοπαυσιακές γυναίκες στις οποίες η ζώνη μετασχηματισμού μπορεί να είναι εν μέρει ή εξ ολοκλήρου εντός του ενδοτράχηλου και η βλάβη δεν είναι ανιχνεύσιμη στη VIA. Ένας σημαντικός περιορισμός του VIA είναι η υποκειμενική φύση της εξέτασης που μπορεί να οδηγήσει σε εξαιρετικές διακυμάνσεις στην θετικότητα και την ακρίβεια του ελέγχου. Οι πάροχοι υπηρεσιών χρειάζονται κατάλληλη εκπαίδευση με κατάλληλα πρακτικά μαθήματα και περιοδική επανεκπαίδευση για να διατηρήσουν τις δεξιότητές τους. Καθώς οι νέοι πάροχοι αρχίζουν να εκτελούν VIA, η θετικότητα της εξέτασης είναι υψηλή, ενώ μειώνεται με την πάροδο του χρόνου και σταθεροποιείται μεταξύ 5% και 15% ανάλογα με τον επιπολασμό των νεοπλασιών του τραχήλου στον πληθυσμό [57, 58].

Ο μακροσκοπικός έλεγχος μετά από εφαρμογή ιωδίου του Lugol (VILI: visual inspection after application of Lugol's iodine) έχει επίσης αξιολογηθεί ως μια εξέταση οπτικής διαλογής, κατάλληλη για περιοχές με χαμηλούς πόρους. Σε μια συγκεντρωτική ανάλυση των μελετών επιπολασμού, η ευαισθησία του VILI (91,2%) ήταν καλύτερη από αυτή του VIA, με συγκρίσιμη ειδικότητα (84,5%) για την ανίχνευση βλαβών CIN 2+ [59]. Εκτός από τη χαμηλή ειδικότητα, ο άλλος περιορισμός του VILI είναι ότι το ιώδιο του Lugol είναι σχετικά ακριβότερο (από το οξικό οξύ) και δεν

είναι άμεσα διαθέσιμο. Καμία τυχαίοποιημένη δοκιμή δεν έχει αξιολογήσει το VILI.

Μοριακοί δείκτες

Η πρωτεΐνη cyclin-dependent kinase inhibitor p16^{INK4a} έχει προταθεί για την πρόωρη διάγνωση του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας, καθώς εκφράζεται σε υψηλά επίπεδα στο δυσπλαστικό επιθήλιο. Η κυτταρολογία διπλής χρώσης των p16^{INK4a} και Ki-67 (δείκτης κυτταρικού πολλαπλασιασμού) έχει χρησιμοποιηθεί για την αύξηση της διαγνωστικής ευαισθησίας [60]. Ωστόσο, αυτοί οι βιοδείκτες έχουν περιορισμούς που παρεμπόδισαν την ενσωμάτωσή τους στον τακτικό προληπτικό έλεγχο του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας, κυρίως επειδή δεν υπάρχει ενιαίο σύστημα βαθμολόγησης για την ανοσοϊστοχημεία και την κυτταρολογική εξέταση. Στο ίδιο πλαίσιο, έχουν προταθεί διάφοροι επιπρόσθετοι δείκτες για την ανίχνευση του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας σε πρώιμα στάδια, όπως είναι οι στόχοι της πρωτεΐνης του ιού HPV, E5 (π.χ. epidermal growth factor receptor, p21 και p27 αναστολείς της cyclin-dependent kinase, cyclooxygenase-2, vascular endothelial growth factor, και caveolin-1). Οι μοριακοί στόχοι των ογκοπρωτεϊνών του HPV είναι πρωτεΐνες που αλληλεπιδρούν με τις HPV ογκοπρωτεΐνες (όπως τα E5, E6 και E7), κυρίως στα πρώιμα στάδια της καρκινογένεσης (καθώς αυτό είναι το πιο κοινό χρονικό πλαίσιο που η E5 υποστηρίζει την εξέλιξη του όγκου) και μπορεί δυνητικά να χρησιμοποιηθούν ως βιοδείκτες στην κλινική ρουτίνα. Άλλοι πιθανοί δείκτες είναι η ανοσοκυτταροχημική μέθοδος ProEx C (η οποία στοχεύει στην έκφραση της topoisomerase II και της minichromosome maintenance complex II protein) καθώς και microRNAs που ρυθμίζονται από πρωτεΐνες HPV E5, E6 και E7 [61, 62].

Θεραπεία του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας

Χειρουργική επέμβαση

Η θεραπεία του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας υπαγορεύεται από την κλινική σταδιοποίηση σύμφωνα με τη Διεθνή Ομοσπονδία Γυναικολογίας και Μαιευτικής (FIGO: International Federation of Gynecology and Obstetrics) [63]. Για τις ασθενείς με πρώιμο καρκίνο του τραχήλου της μήτρας συνιστάται η χειρουργική επέμβαση. Μια βιοψία κώνου είναι η κατάλληλη θεραπεία για ασθενείς με νόσο σταδίου IA1, ενώ για ασθενείς με νόσο σταδίου IA1 με λεμφαγγειακή διείσδυση ή νόσο σταδίου IA2 συνιστάται η βιοψία κώνου με αρνητικά χειρουργικά όρια και ανατομή πυελικών λεμφαδένων. Η χειρουργική επέμβαση διατήρησης γονιμότητας είναι μια επιλογή για ασθενείς με πρώιμο στάδιο καρκίνου του τραχήλου της μήτρας. Για τις ασθενείς που πάσχουν από καρκίνο σταδίου IA1 έως στάδιο IB1, μπορεί να εξεταστεί μια ριζική τραχηλεκτομή και ανατομή πυελικών λεμφαδένων. Μια πρόσθετη επιλογή για ορισμένες ασθενείς θα ήταν η πυελική ακτινοθεραπεία και η βραχυθεραπεία. Υπάρχουν επί του παρόντος τρέχουσες κλινικές δοκιμές που αξιολογούν τη χειρουργική επέμβαση «μειωμένης έντασης» για ασθενείς με βλάβες πρώιμου σταδίου. Μια τυχαιοποιημένη κλινική δοκιμή χειρουργικής επέμβασης έναντι ακτινοθεραπείας για ασθενείς με καρκίνο του τραχήλου της μήτρας σταδίου IB1 έως IIA δεν έδειξε διαφορά στην επιβίωση [64]. Είναι, ακόμη, ενδιαφέρον να σημειωθεί ότι οι ασθενείς σε αυτή τη μελέτη δεν έλαβαν χημειοθεραπεία και το 84% των ασθενών που υπεβλήθησαν σε χειρουργική επέμβαση με όγκους μεγέθους >4 cm χρειάστηκαν μετεγχειρητική ακτινοθεραπεία. Η νοσηρότητα διαπιστώθηκε ότι είναι

μεγαλύτερη σε ασθενείς που έλαβαν και τις δύο θεραπείες και για αυτό συνίσταται η χρήση μίας μόνο μεθόδου.

Τεχνολογίες απεικόνισης

Οι προχωρημένες τεχνολογίες απεικόνισης όπως η υπολογιστική τομογραφία, η μαγνητική τομογραφία και η τομογραφία εκπομπής ποζιτρονίων δεν είναι επιτρεπτές στη σταδιοποίηση FIGO. Ωστόσο, η απεικόνιση (εάν υπάρχει) θα πρέπει να χρησιμοποιείται για την κατάλληλη καθοδήγηση της θεραπείας. Οι τομογραφίες εκπομπής ποζιτρονίων είναι χρήσιμες για τον προσδιορισμό της έκτασης της νόσου. Η απεικόνιση μαγνητικού συντονισμού είναι μακράν καλύτερη στην ανάδειξη των μαλακών μορίων με μεγάλη ανάλυση για την έκταση του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας εντός της λεκάνης. Αυτό μπορεί να είναι κρίσιμο για το σχεδιασμό της θεραπείας με βραχυθεραπεία ή για τις συμβατικές τεχνικές ακτινοθεραπείας [8].

Χημειοραδιοθεραπεία

Μία ανακοίνωση του Εθνικού Ινστιτούτου Καρκίνου των ΗΠΑ το 1999 κατέδειξε την ανωτερότητα της ταυτόχρονης χημειοραδιοθεραπείας που περιέχει σισπλατίνη για γυναίκες με προχωρημένο καρκίνο του τραχήλου της μήτρας. Ο βαθμός κινδύνου για το θάνατο ήταν περίπου 0,52 [65]. Συνεπώς, η τεχνική αυτή υιοθετήθηκε γρήγορα παγκοσμίως και η εβδομαδιαία χορήγηση σισπλατίνης έγινε παγκόσμιο πρότυπο [66]. Η βελτιστοποίηση της χημειοθεραπείας είναι ασαφής και το Δίκτυο Ερευνών για τον Καρκίνο του Τραχήλου της μήτρας (CCRN: Cervix Cancer Research Network) έχει 3 κλινικές μελέτες που δοκιμάζουν τον βέλτιστο συνδυασμό χημειοθεραπείας και ραδιοθεραπείας [67]. Στην κλινική δοκιμή OUTBACK (δοκιμή φάσης 3 της επικουρικής χημειοθεραπείας μετά

από χημειοραδιοθεραπεία ως πρωτοβάθμια θεραπεία για τοπικά προχωρημένο καρκίνο του τραχήλου σε σχέση με τη χημειοραδιοθεραπεία μόνο) εξετάζεται επί του παρόντος η εκτεταμένη επικουρική χημειοθεραπεία σε ασθενείς με τοπικά προχωρημένη νόσο ενώ και άλλες παράλληλες κλινικές δοκιμές διερευνούν το βέλτιστο σχήμα θεραπείας [8].

Σε ασθενείς με προχωρημένη νόσο που λαμβάνουν θεραπευτική ακτινοθεραπεία, είναι πολύ σημαντική η διατήρηση της συνολικής διάρκειας της θεραπευτικής αγωγής έως 8 εβδομάδες. Σε πολλές μελέτες, η παρατεταμένη θεραπεία (διάρκειας περισσότερων των 8 εβδομάδων) έχει αποδειχθεί ότι έχει κατά προσέγγιση 1% απώλεια του τοπικού ελέγχου για κάθε ημέρα θεραπείας μετά από 8 εβδομάδες. Η προσκόλληση σε ορισμένα στατιστικά στοιχεία ελέγχου ποιότητας, όπως η ταυτόχρονη λήψη χημειοραδιοθεραπείας, η βραχυθεραπεία και η ολοκλήρωση της θεραπείας εντός 8 εβδομάδων, αναμένεται να βελτιώσουν σημαντικά την επιβίωση παγκοσμίως.

Βραχυθεραπεία

Η βραχυθεραπεία αποτελεί αναπόσπαστο μέρος της θεραπείας των ασθενών με προχωρημένο καρκίνο του τραχήλου της μήτρας και αποτελεί το πρότυπο της περίθαλψης σε συνδυασμό με εξωτερική ακτινοθεραπεία δέσμης, σύμφωνα με τις διεθνείς κατευθυντήριες οδηγίες [68, 69]. Το πλεονέκτημα της βραχυθεραπείας έγκειται στον έλεγχο των δόσεων και περιλαμβάνει τη δυνατότητα μιας τοπικά υψηλής και συμβατικής δόσης στη θέση της νόσου με ταχεία πτώση της δόσης, με αποτέλεσμα να μην επιβαρυνθούν παρακείμενες δομές, όπως η ουροδόχος κύστη, το ορθό, το σιγμοειδές και το λεπτό έντερο [70]. Η

βραχυθεραπεία παραμένει μη διαθέσιμη σε πολλές χώρες. Ακόμη και σε χώρες όπου η βραχυθεραπεία είναι εύκολα προσβάσιμη, η χρήση της μειώνεται [8]. Η ανάλυση της βάσης δεδομένων για την επιτήρηση, την επιδημιολογία και τα τελικά αποτελέσματα (SEER: Surveillance, Epidemiology, and End Results) έδειξε μείωση της χρήσης βραχυθεραπείας από 83% το 1988 σε 58% ($P < .001$), αν και διαπιστώθηκε ότι η βραχυθεραπεία συνδέεται ανεξάρτητα με καλύτερη επιβίωση [70]. Μια παρόμοια μελέτη έδειξε ότι η χρήση βραχυθεραπείας μειώθηκε από 97% το 2004 σε 86% το 2011 [71, 72]. Μάλιστα, η επίδραση της χρήσης βραχυθεραπείας ήταν σημαντικότερη από αυτή της ταυτόχρονης χημειοθεραπείας [72]. Η βραχυθεραπεία είναι μια σύνθετη διαδικασία που απαιτεί σημαντικούς πόρους και υποδομές, κάτι που είναι ιδιαίτερα δύσκολο για χώρες με περιορισμένους πόρους. Μόνο 20 από τις 52 αφρικανικές χώρες είχαν βραχυθεραπεία το 2010 [70, 71], ενώ από τα 12 κέντρα στη Λατινική Αμερική 3 δεν πραγματοποιούν γυναικολογική βραχυθεραπεία [70].

Μια συσκευή βραχυθεραπείας υψηλής δόσης μπορεί να παρέχει θεραπεία σε περίπου 10 έως 12 ασθενείς την ημέρα. Στην Αιθιοπία, μια χώρα 94,1 εκατομμυρίων ατόμων με 60.000 νέες περιπτώσεις καρκίνου κάθε χρόνο, υπάρχει μόνο μία συσκευή για ολόκληρη τη χώρα. Στην Ταϊλάνδη, σε ένα νοσοκομείο, πραγματοποιούνται συνολικά 1.000 βραχυθεραπευτικές επεμβάσεις το έτος με μία συσκευή. Στην Ονδούρα, όπου 1.000 νέες περιπτώσεις καρκίνου του τραχήλου της μήτρας διαγιγνώσκονται ετησίως, δεν υπάρχει εγκατάσταση βραχυθεραπείας σε ολόκληρη τη χώρα. Η αύξηση της παγκόσμιας διαθεσιμότητας βραχυθεραπείας πρέπει να αποτελεί παγκόσμια προτεραιότητα υγείας [8].

Νέες Θεραπευτικές προσεγγίσεις

Παρόλο που τα πρώιμα προκαρκινικά στάδια του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας είναι δυνητικά θεραπεύσιμα, το εφαρμοζόμενο θεραπευτικό σχήμα, που περιλαμβάνει χειρουργικές επεμβάσεις, χημειοθεραπεία και ραδιοθεραπεία, έχει ως αποτέλεσμα οι ασθενείς με διηθητικό και επανεμφανιζόμενο καρκίνο να έχουν πολύ κακή πρόγνωση. Συνεπώς, η διερεύνηση των μοριακών μηχανισμών στον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας και η ανακάλυψη νέων φαρμακευτικών στόχων και θεραπευτικών προσεγγίσεων κρίνεται απαραίτητη.

Το 2014, εγκρίθηκε το πρώτο στοχευμένο φάρμακο για μεταστατικό και υποτροπιάζων καρκίνο του τραχήλου της μήτρας, το bevacizumab [73]. Το γεγονός αυτό φαίνεται να σηματοδοτεί μία νέα εποχή στην αντιμετώπιση της νόσου. Νέοι βιολογικοί παράγοντες που στοχεύουν διάφορα μοριακά μονοπάτια καθώς και η ανοσοθεραπεία μπορεί να αντιπροσωπεύουν μια καινοτόμο στρατηγική για τη θεραπεία των ασθενών στο εγγύς μέλλον. Μέχρι σήμερα όμως, αν και έχουν αναφερθεί ενθαρρυντικά αποτελέσματα στις πρώιμες κλινικές δοκιμές, σχεδόν κανένα από τα νέα φάρμακα δεν βρίσκεται κλινική μελέτη φάσης 3. Ακόμη, είναι απαραίτητο να διαπιστωθεί η αποτελεσματικότητα και οι περιορισμοί όλων των θεραπευτικών στρατηγικών σε ένα ευρύ φάσμα τυχαιοποιημένων κλινικών δοκιμών πριν από την εισαγωγή τους στην κλινική πρακτική [74].

Η πρωτεωμική ανάλυση στον καρκίνο

Η πρωτεωμική ανάλυση περιλαμβάνει την επισκόπηση του συνόλου της παραγόμενης πρωτεΐνης ενός κυττάρου ή ενός οργανισμού. Τα δεδομένα πρωτεωμικής είναι εξαιρετικά χρήσιμα στην ταξινόμηση κυττάρων και ιστών σε παθολογικές καταστάσεις καθώς και στην κατανόηση διαφορετικών βιολογικών μηχανισμών. Η δομή, οι αλληλεπιδράσεις και οι λειτουργίες όλων των πρωτεϊνών εντός κυττάρων και οργανισμών μπορούν να αναγνωριστούν χρησιμοποιώντας μεθόδους πρωτεωμικής. Αυτό το πεδίο ενσωματώνει τεχνολογίες που μπορούν να εφαρμοστούν σε διάφορα βιολογικά δείγματα (όπως πλάσμα αίματος, ούρα, κύτταρα και ιστό), προκειμένου να εξαχθούν σημαντικές βιολογικές πληροφορίες με τη μορφή βιοδεικτών για να βοηθήσουν τους κλινικούς ιατρούς και τους επιστήμονες να κατανοήσουν τη δυναμική βιολογία του συστήματος ενδιαφέροντος τους, όπως ένας ασθενής με καρκίνο. Ως μια αξιόπιστη ένδειξη της κατάστασης του καρκίνου και της εξέλιξης της φυσιολογικής κατάστασης του κυττάρου σε συγκεκριμένο χρόνο, οι βιοδείκτες αποτελούν ισχυρά εργαλεία για την παρακολούθηση της πορείας της νόσου και τη μέτρηση της αποτελεσματικότητας και της ασφάλειας νέων θεραπευτικών παραγόντων [75]. Έτσι, η καλύτερη κατανόηση των μοριακών μηχανισμών που διέπουν μία κατάσταση ή βιολογική διεργασία, όπως είναι η καρκινογένεση, μπορεί να αναδείξει νέους στόχους για τη βελτίωση της περίθαλψης και της θεραπείας.

Είναι γενικά αποδεκτό ότι η μελέτη του πρωτεώματος, πέρα από τη μελέτη του γονιδιώματος, είναι κρίσιμη για την κατανόηση ενός συστήματος ή ενός μηχανισμού, για τους ακόλουθους λόγους:

- 1) Υπάρχει κακή συσχέτιση μεταξύ της αφθονίας του mRNA και των επιπέδων της αντίστοιχης πρωτεΐνης.
- 2) Ορισμένα μόρια mRNA δεν κωδικοποιούν και δεν δημιουργούν προϊόντα πρωτεΐνης.
- 3) Αρκετά πρώιμα μετάγραφα mRNA υποβάλλονται σε εναλλακτικό μάτισμα. Ως εκ τούτου, το γονίδιο μπορεί να προκαλέσει πολλαπλά πρωτεϊνικά προϊόντα.
- 4) Σχεδόν όλες οι ευκαρυωτικές πρωτεΐνες υποβάλλονται σε μετα-μεταφραστικές τροποποιήσεις. Αυτές οι τροποποιήσεις, οι οποίες ενδεχομένως έχουν τεράστιες λειτουργικές συνέπειες, δεν μπορούν πάντα να προβλεφθούν από τις ακολουθίες βάσεων των γονιδίων.
- 5) Η μετατόπιση της πρωτεΐνης από τη θέση της σύνθεσης στον τόπο δραστηριότητας επίσης δεν μπορεί πάντα να προβλεφθεί από τις ακολουθίες βάσεων των γονιδίων.
- 6) Οι ίδιες οι πρωτεΐνες μπορεί να αποδομηθούν και να διαφέρουν σημαντικά στη σταθερότητα.
- 7) Η λειτουργία μιας πρωτεΐνης δεν μπορεί πάντα να προβλεφθεί αξιόπιστα από πληροφορίες αλληλουχίας [76].

Ο καρκίνος είναι μια πολύπλευρη ασθένεια που προκύπτει από την απορρύθμιση των δικτύων κυτταρικής σηματοδότησης που ελέγχουν τις κυτταρικές συμπεριφορές, όπως ο πολλαπλασιασμός και η απόπτωση, και οφείλεται σε γενετικές, γονιδιακές και επιγενετικές αλλοιώσεις στο επίπεδο των κυττάρων ή των ιστών [77]. Η πρόληψη, η έγκαιρη διάγνωση και η έγκαιρη παρέμβαση αποτελούν πρωταρχικούς στόχους των ογκολόγων και των βιολόγων του καρκίνου [78]. Εάν τα γονίδια θεωρούνται κύριοι ελεγκτές της κυτταρικής συμπεριφοράς, τότε οι πρωτεΐνες είναι οι τελεστές και, ως εκ τούτου, η έκφραση και η

δραστηριότητα των πρωτεϊνών αποτελούν τη μοριακή βάση της υγείας ή της ασθένειας. Συγκεκριμένα, στον καρκίνο, οι εκφραζόμενες πρωτεΐνες κατευθύνουν την ανάπτυξη του όγκου, τη διείσδυση, τη μετάσταση, την αλληλεπίδραση με τα γύρω κύτταρα και την ανταπόκριση στη θεραπεία [79]. Η ανακάλυψη μεταβολών στα πρωτεϊνικά σηματοδοτικά μονοπάτια, συμπεριλαμβανομένου του κυτταρικού κύκλου στον καρκίνο, βοηθά στην κατανόηση του μοριακού μηχανισμού της καρκινογένεσης, της εξέλιξης του καρκίνου και της μετάστασης. Οι αλλαγές στη ρύθμιση των μοριακών μηχανισμών συσσωρεύονται σε κάθε στάδιο της καρκινογένεσης που προκύπτει από γενετικούς, επιγενετικούς και περιβαλλοντικούς παράγοντες [77].

Ο κακοήθης μετασχηματισμός προκαλεί αλλαγές στην έκφραση των πρωτεϊνών με επακόλουθο κλωνικό πολλαπλασιασμό των καρκινικών κυττάρων. Αυτές οι αλλαγές μπορούν να παρακολουθούνται σε επίπεδο πρωτεϊνών, τόσο ποιοτικά όσο και ποσοτικά. Τα πρωτεωμικά προφίλ στον καρκίνο παρέχουν πολύτιμες πληροφορίες που μπορεί να βοηθήσουν στην αποτελεσματικότερη διάγνωση, πρόγνωση και θεραπευτική στόχευση [80].

Όσον αφορά τον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας, η πρωτεωμική ανάλυση έχει αναδειχθεί ως ένα ισχυρό εργαλείο, αποκαλύπτοντας τη σχέση ανάμεσα στη μόλυνση από τον ιό HPV και των παρατηρούμενων μεταβολών στο πρωτέωμα. Μια ευρεία ποικιλία μεθόδων που βασίζονται σε πηκτώματα (2DE - διδιάστατη ηλεκτροφόρηση πηκτώματος) και χωρίς πηκτώματα (LC-MS/MS - υγρή χρωματογραφία και φασματομετρία μάζας) έχουν χρησιμοποιηθεί σε συστήματα κυτταροκαλλιέργειας που σχετίζονται με τον καρκίνο του τραχήλου καθώς και σε δείγματα ιστών [81]. Η ενσωμάτωση των

δεδομένων πρωτεωμικής με άλλα δεδομένα από άλλες τεχνικές -ομικής, όπως η γονιδιωματική και η μεταγραφομική, έχει καθιερώσει το ρόλο της βιολογίας των συστημάτων, για την ανακάλυψη πιθανών βιοδεικτών επιτρέποντας την εξατομικευμένη ιατρική του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας [82]. Ακόμη, ο μοριακός χαρακτηρισμός των όγκων αναμένεται να διευκολύνει την επιλογή στοχευμένων θεραπειών [62].

Ανάγκη για ανακάλυψη νέων πρωτεϊνών που σχετίζονται με τον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας

Όπως περιγράφηκε στις προηγούμενες ενότητες, ο προληπτικός έλεγχος και ο εμβολιασμός έχουν συντελέσει στη σημαντική μείωση των περιστατικών καρκίνου του τραχήλου της μήτρας αλλά το πρόβλημα συνεχίζει να υπάρχει και ιδιαίτερα στις χώρες με χαμηλό ή μεσαίο εισόδημα. Περίπου το 88% των περιστατικών καρκίνου τραχήλου της μήτρας διαγιγνώσκονται σε περιοχές με περιορισμένους πόρους όπου υπάρχουν ελάχιστες ή καθόλου υποδομές για την πρόληψη και τη θεραπεία της νόσου. Από την άλλη πλευρά, τα εμβόλια που υπάρχουν σήμερα, έχουν μεγάλο κόστος, απαιτούν υποδομές συντήρησης και χορηγούνται σε τρεις δόσεις σε διάστημα 6 μηνών καθιστώντας τον εμβολιασμό δύσκολο αλλά και μη αποδοτικό, ειδικά όσον αφορά τις χώρες με χαμηλό ή μεσαίο εισόδημα. Επιπλέον παράγοντες που επηρεάζουν την αποτελεσματική πρόληψη του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας είναι κοινωνικοί λόγοι όπως η εναντίωση στον εμβολιασμό νεαρών κοριτσιών για σεξουαλικά μεταδιδόμενο νόσημα σε συνδυασμό με τον ολοένα και μικρότερο μέσο όρο ηλικίας της πρώτης σεξουαλικής επαφής και ο φόβος για τα εμβόλια. Τέλος, οι διαθέσιμες

Θεραπευτικές μέθοδοι δεν είναι πολύ αποτελεσματικές και θέτουν συχνά σε σοβαρότατο κίνδυνο τη γονιμότητα των ασθενών.

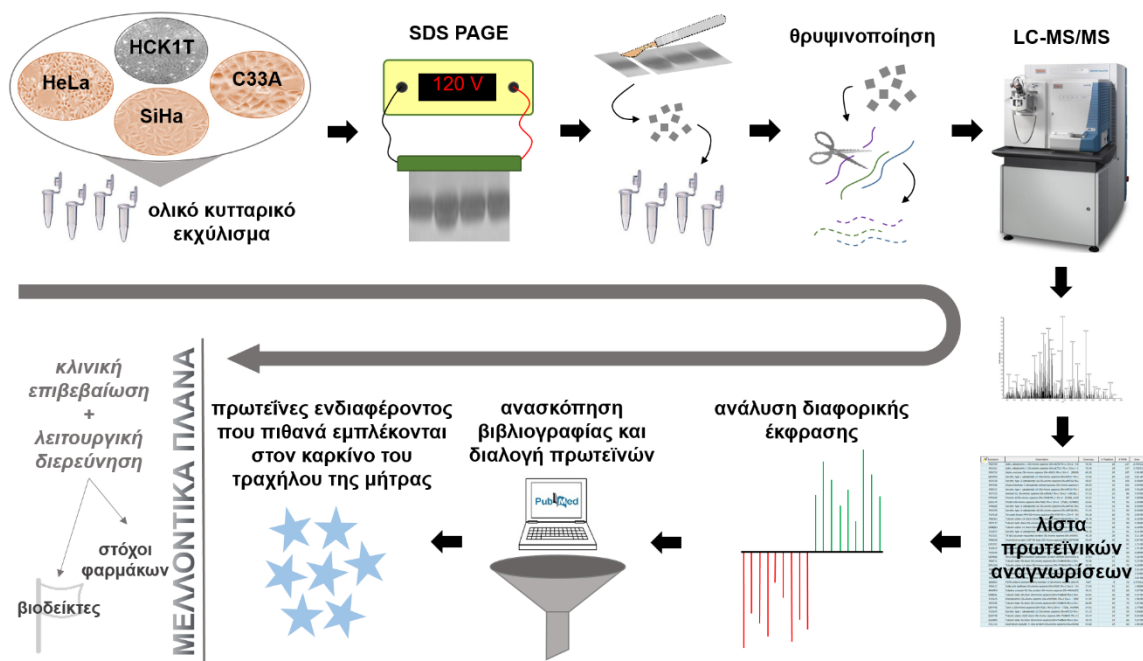
Υπάρχει, συνεπώς, επιτακτική ανάγκη για τη διερεύνηση των μοριακών μηχανισμών που συμμετέχουν στη διαδικασία της καρκινογένεσης και εξέλιξης του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας. Βαθύτερη γνώση των βιολογικών διεργασιών και των μορίων που εμπλέκονται σε αυτούς μπορεί να οδηγήσει στην ανακάλυψη νέων δεικτών με υψηλή ευαισθησία και ειδικότητα για την έγκαιρη διάγνωση αλλά και πρόγνωση των προκαρκινικών αλλοιώσεων και του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας, καθώς και στην εύρεση νέων φαρμακευτικών στόχων για την αποτελεσματικότερη θεραπεία της νόσου.

Μάλιστα, στα πλαίσια του μεταπτυχιακού προγράμματος που προηγήθηκε της παρούσας διατριβής, πραγματοποιήθηκε πρωτεωμική ανάλυση τεσσάρων κυτταρικών σειρών με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας με σκοπό την ανάδειξη νέων δεικτών για τον καρκίνο τραχήλου της μήτρας. Από τη σύγκριση των πρωτεωμικών προφίλ των τεσσάρων κυτταρικών σειρών αναδείχθηκαν διαφορεικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες οι οποίες μπορούν να αποτελέσουν πιθανούς δείκτες για τον καρκίνο τραχήλου της μήτρας.

ΣΚΟΠΟΣ

Σκοπός της διδακτορικής αυτής διατριβής αποτελεί η ανακάλυψη νέων πρωτεϊνών που σχετίζονται με την παθολογία του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας με στόχο την καλύτερη κατανόηση των μοριακών μηχανισμών που διέπουν το σχηματισμό των δυσπλασιών και την εύρεση πιθανών θεραπευτικών στόχων (Εικόνα 3). Συγκεκριμένα, οι ειδικοί σκοποί της παρούσας διατριβής είναι:

- Η βιοπληροφορική ανάλυση των αποτελεσμάτων της προηγούμενης πρωτεωμικής μελέτης με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας με σκοπό την ανάδειξη μονοπατιών και μορίων που εμπλέκονται στην καρκινογένεση.
- Η πρωτεωμική ανάλυση του κυτταρικού εκχυλίσματος των κυτταρικών σειρών με φασματομετρία μάζας υψηλής διακριτικής ικανότητας.
- Η σύγκριση των αποτελεσμάτων των δύο προσεγγίσεων πρωτεωμικής ανάλυσης.
- Η βιοπληροφορική ανάλυση των αποτελεσμάτων της πρωτεωμικής ανάλυσης υψηλής διακριτικής ικανότητας.
- Η ανάδειξη πρωτεϊνών οι οποίες πιθανότατα παίζουν σημαντικό ρόλο στον καρκίνο του τραχήλου του μήτρας από τα αποτελέσματα της πρωτεωμικής ανάλυσης υψηλής διακριτικής ικανότητας για περαιτέρω διερεύνηση μέσω ανασκόπησης της βιβλιογραφίας.



Εικόνα 3. Σχηματική αναπαράσταση της πειραματικής μεθοδολογίας και της ανάλυση για την επίτευξη του σκοπού

ΥΛΙΚΑ ΚΑΙ ΜΕΘΟΔΟΙ

Εργαλεία βιοπληροφορικής ανάλυσης αποτελεσμάτων πρωτεωμικής μελέτης με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας

Σε προηγούμενη πρωτεωμική μελέτη και στα πλαίσια του ίδιου ερευνητικού έργου, πραγματοποιήθηκε ανάλυση τεσσάρων κυτταρικών σειρών με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας. Οι κυτταρικές σειρές που μελετήθηκαν είναι οι ίδιες που περιλαμβάνονται στην παρούσα διατριβή. Από την ανάλυση αυτή προέκυψαν συνολικά 113 διαφορεικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις καρκινικές και στη φυσιολογική κυτταρική σειρά του τραχήλου της μήτρας [83]. Ως συνέχεια αυτής της μελέτης και στα πλαίσια της παρούσας διδακτορικής διατριβής, πραγματοποιήθηκε η βιοπληροφορική ανάλυση των αποτελεσμάτων αυτών.

Η λειτουργική ανάλυση των διαφορεικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών της πρωτεωμικής ανάλυσης με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας παραγματοποιήθηκε χειροκίνητα χρησιμοποιώντας πληροφορίες από τη βάση δεδομένων Uniprot (<https://www.uniprot.org/>) και τη βιβλιογραφία, κυρίως μέσω των βάσεων δεδομένων Pubmed (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>) και Quertle (<https://www.quetzal-search.info/home>).

Η μελέτη των μοριακών μονοπατιών στα οποία συμμετέχουν οι διαφορεικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες από την πρωτεωμική ανάλυση με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας

πραγματοποιήθηκε με τη χρήση της πλατφόρμας Ingenuity Pathway Analysis (<https://www.qiagenbioinformatics.com/products/ingenuity-pathway-analysis/>) της QIAGEN. Τα αποτελέσματα της ανάλυσης με την πλατφόρμα Ingenuity Pathway Analysis, ελέγχθηκαν όσον αφορά τη σχέση τους με τη βιολογία του καρκίνου και αφαιρέθηκαν μοριακά μονοπάτια που δεν ήταν σχετικά. Ακόμη, μοριακά μονοπάτια τα οποία προέκυψαν από λιγότερες από τρεις από τις διαφορεικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες της μελέτης μας αφαιρέθηκαν ώστε να αυξηθεί η αξιοπιστία των αποτελεσμάτων. Μόνο τα στατιστικά σημαντικά ($p \leq 0.05$, Fisher's exact test) μοριακά μονοπάτια λήφθηκαν υπόψιν σε αυτή την ανάλυση.

Καλλιέργεια κυτταρικών σειρών

Οι κυτταρικές σειρές

Οι καρκινικές κυτταρικές σειρές του τραχήλου της μήτρας που χρησιμοποιήθηκαν είναι οι εξής: SiHa (HPV16+), HeLa (HPV18+) και C33A (HPV-) (εμπορικά διαθέσιμες από την ATCC-American Type Culture Collection) ενώ ως κυτταρική σειρά ελέγχου χρησιμοποιήθηκε η κυτταρική σειρά HCK1T (φυσιολογικά κερατινοκύτταρα του τραχήλου της μήτρας) η οποία προσφέρθηκε από τον Dr. Tohru Kiyono [84].

Οι κυτταρικές σειρές είναι συμπληρωματικές η μία προς την άλλη καθώς οι επιπτώσεις των δύο πιο συχνών τύπων HPV (16 και 18) εκτιμήθηκαν με τη χρήση των κυτταρικών σειρών SiHa και HeLa. Επιπλέον, η χρήση της καρκινικής σειράς C33A, η οποία είναι αρνητική για τον ιό HPV χρησιμοποιήθηκε για να προσφέρει την κατανόηση του φαινότυπου του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας, απουσία του ιού HPV. Η

Κυτταρική σειρά HCK1T αποτελεί την καταλληλότερη επιλογή κυτταρικής σειράς ελέγχου, καθώς προέρχεται από φυσιολογικά ανθρώπινα κερατινοκύτταρα του τραχήλου της μήτρας.

Πιο συγκεκριμένα, τα ανθρώπινα φυσιολογικά κερατινοκύτταρα του τραχήλου της μήτρας HCK1T προέκυψαν μετά από έγγραφη συναίνεση από μια ασθενή, η οποία υπέστη κοιλιακή χειρουργική επέμβαση για μια γυναικολογική ασθένεια που δεν συσχετιζόταν με τον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας. Τα HCK1s επιμολύνθηκαν με ρετροϊούς που είχαν μεταχθεί με την καταλυτική υπομονάδα της Αντίστροφης Μεταγραφάσης της ανθρώπινης Τελομεράσης (human Telomerase Reverse Transcriptase - hTERT) με σκοπό την αθανατοποίησή τους. Τα κύτταρα HCK1T έχουν υποστεί καρυοτυπική ανάλυση και τα κύτταρα έχουν διατηρήσει φυσιολογικά διπλοειδή χρωμοσώματα [84].

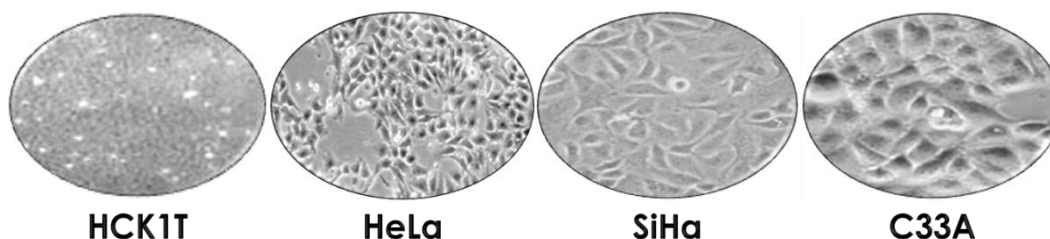
Τα HeLa είναι επιθηλιακά κύτταρα του τραχήλου και περιέχουν 10-50 ενσωματωμένα αντίγραφα HPV 18 ανά κύτταρο [85]. Έχουν προέλθει από μια Αμερικανίδα ασθενή (Henrietta Lacks) 31 ετών με αδενοκαρκίνωμα [86]. Ο καρυότυπος των HeLa αποτελείται από πολλά τρισωμικά χρωμοσώματα (χρωμοσώματα 1, 6, 7, 8, 14, 16, 17, 20 και 21), ένα μονοσωμικό χρωμόσωμα (χρωμόσωμα 3) και ένα τετρασωμικό χρωμόσωμα [85].

Τα SiHa είναι επιθηλιακά κύτταρα του τραχήλου της μήτρας και περιέχουν 1-2 ενσωματωμένα αντίγραφα HPV 16 ανά κύτταρο. Έχουν προέλθει από μια Γιαπωνέζα ασθενή 55 ετών με καρκίνωμα πλακώδους επιθηλίου, βαθμού II. Ο καρυότυπος των SiHa αποτελείται από πολλά τρισωμικά χρωμοσώματα (χρωμοσώματα 7, 11, 14, 15 και 20) ενώ το

χρωμόσωμα 16 είναι τετρασωμικό. Η μετάφασή τους περιέχει 68 χρωμοσώματα [85].

Τα C33A είναι επιθηλιακά κύτταρα του τραχήλου αρνητικά για HPV DNA και RNA. Έχουν προέλθει από μια ασθενή 66 ετών με καρκίνωμα του τραχήλου της μήτρας. Είναι μια ψευδοδιπλοειδής ανθρώπινη κυτταρική σειρά με το χρωμόσωμα 46, να προκύπτει στο 70% των κυττάρων που εξετάστηκαν. Τα πολυπλοειδή κύτταρα προέκυψαν σε ποσοστό 8,6% [πληροφορίες από ATCC].

Η όψη των τεσσάρων κυτταρικών σειρών όπως φαίνεται στο μικροσκόπιο παρουσιάζεται στην Εικόνα 4.



Εικόνα 4. Οι τέσσερις κυτταρικές σειρές που χρησιμοποιήθηκαν στην παρούσα διατριβή και η όψη τους.

Συνθήκες καλλιέργειας

Οι καρκινικές κυτταρικές σειρές HeLa, SiHa και C33A καλλιεργήθηκαν σε θρεπτικό υλικό DMEM (Dulbecco's Modified Eagle's Medium, Gibco-Invitrogen) εμπλουτισμένο με 10% ο/ο Βόειο Εμβρυικό Ορό FBS (Fetal Bovine Serum, Gibco-Invitrogen), 1% ο/ο αντιβιοτικά πενικιλίνη-στρεπτομυκίνη (P/S, Biological Industries) και επώαστηκαν στους 37 °C, 5% CO₂ υπό άσηπτες συνθήκες. Η κυτταρική σειρά HCK1T

καλλιεργήθηκε σε θρεπτικό υλικό χωρίς βόειο ορό σε Defined Keratinocyte SFM (Serum-Free Medium) (I Gibco BRL, Grand Island, NY) που περιείχε 5 ng/ml EGF (Epidermal Growth Factor) (Gibco BRL, Grand Island, NY) και 50 µg/ml BPE (Bovine Pituitary Extract) (Gibco BRL, Grand Island, NY), όπως προτείνεται [87]. Τα κύτταρα καλλιεργήθηκαν σε φλάσκες 25 cm² μέχρι να συμπληρώσουν τον πυθμένα κατά 80-90% σχηματίζοντας μονοστοιβάδα. Έπειτα αποκολλήθηκαν με θρυψινοποίηση προσθέτοντας διάλυμα 2 ml 0,25% θρυψίνη/0,02% EDTA (Ethylenediaminetetraacetic acid) (Sigma) αφού επώαστηκαν στους 37 °C για 5 λεπτά έτσι ώστε να δράσει η θρυψίνη. Προστέθηκε ίσος όγκος με το διάλυμα θρυψινοποίησης θρεπτικού μέσου που περιείχε 10% FBS για την απενεργοποίηση της θρυψίνης και τα κύτταρα φυγοκεντρήθηκαν στα 200 g για 5 λεπτά. Το κυτταρικό ίζημα αναδιαλύθηκε και ίσοι όγκοι διαμοιράστηκαν σε 3-4 φλάσκες 175 cm² για την ανακαλλιέργεια των κυττάρων σε μεγαλύτερη κλίμακα έως ότου η κάθε φλάσκα πληρωθεί κατά 80-90%.

Τα κύτταρα προς ψύξη αποκολλήθηκαν από τις φλάσκες όπως και κατά την ανακαλλιέργειά τους και φυγοκεντρήθηκαν στα 200 g για 10 λεπτά. Μετά από αφαίρεση του υπερκειμένου το κυτταρικό ίζημα επαναιωρήθηκε σε μέσο που περιείχε 90% FBS και 10% γλυκερόλης (Panreac), η οποία επιφέρει κρυοπροστατευτική δράση. Για τα HCK1T η επαναιώρηση έγινε σε μέσο που περιείχε 10% DMSO (Dimethyl Sulfoxide) (Sigma) σε Defined Keratinocyte SFM. Τα κύτταρα διαμοιράστηκαν σε ειδικά πλαστικά φιαλίδια κατάψυξης (Gibco-Invitrogen) και ψύχθηκαν σταδιακά για 3-4 ώρες στους -20 °C και έπειτα στους -80 °C για μελλοντική χρήση.

Για την απόψυξη των κυττάρων τα φιαλίδια μεταφέρθηκαν στους 37 °C μέχρι να αποψυχθεί το περιεχόμενό τους. Στην συνέχεια τοποθετήθηκαν σε πλαστικό σωλήνα φυγοκέντρωσης που περιείχε 2 ml θρεπτικού υλικού. Ακολούθησε φυγοκέντρωση στα 200 g για 5 λεπτά και απόρριψη του υπερκειμένου. Το κυτταρικό ίζημα αναδιαλύθηκε σε κατάλληλη ποσότητα θρεπτικού υλικού και τοποθετήθηκε σε φλάσκες ανακαλλιέργειας.

Συλλογή ολικού πρωτεϊνικού εκχυλίσματος από τις κυτταρικές σειρές

Δημιουργία ιζήματος κυττάρων

Για τη συλλογή του ολικού πρωτεϊνικού εκχυλίσματος από τις κυτταρικές σειρές, όταν η κάλυψη των φλασκών έφτασε το 80-90% πραγματοποιήθηκε θρυψινοποίηση και φυγοκέντρωση των κυττάρων όπως περιγράφηκε νωρίτερα και για την ανακαλλιέργεια των κυττάρων. Μετά τη φυγοκέντρωση το υπερκείμενο απομακρύνεται και τα κύτταρα ξεπλύθηκαν 3 φορές με 1 x PBS (phosphate-buffered saline) (Gibco BRL) με διαδοχικές φυγοκεντρήσεις. Μετά τα ξεπλύματα, το ίζημα φυλάχθηκε στους -80 °C έως ότου να χρησιμοποιηθεί.

Ομογενοποίηση κυττάρων σε διάλυμα λύσης

Προστέθηκαν 150-250 μl διαλύματος λύσης (7M Urea, 2M Thiourea, 4% CHAPS, 1% DTE) σε κάθε κυτταρικό ίζημα, ανάλογα με τον όγκο του, που προερχόταν από φλάσκες των τεσσάρων κυτταρικών σειρών. Με διαδοχικές αναρροφήσεις της πιπέτας και έντονη ανατάραξη επιχειρήθηκε η όσο το δυνατόν καλύτερη διαλυτοποίηση. Όλη η

παραπάνω διαδικασία επιτελέστηκε σε πάγο, για την αποφυγή ενεργοποίησης πρωτεασών και της μετουσίωσης των πρωτεϊνών λόγω αυξημένης θερμοκρασίας. Η αυξημένη θερμοκρασία μπορεί επίσης να μετατρέψει την ουρία του διαλύματος λύσης σε ισοκυάνιο (Isocyanate) το οποίο καρβαμυλιώνει τις πρωτεΐνες μεταβάλλοντας το ισοηλεκτρικό τους σημείο.

Για να μεγιστοποιηθεί το ποσοστό των κυττάρων που έχουν διαρρηχθεί, χρησιμοποιήθηκε συσκευή παραγωγής υπέρηχων σε λουτρό. Κάθε κυτταρικό ομογενοποίημα υπέστη την επίδραση υπέρηχων για 10 λεπτά. Η διαδικασία επαναλήφθηκε 3-4 φορές. Το δείγμα παρέμεινε σε θερμοκρασία δωματίου μετά τη διαλυτοποίηση για 10-15 λεπτά έτσι ώστε να γίνει πλήρης αποδιάταξη των πρωτεϊνικών συστατικών πριν τη φυγοκέντρηση.

Ακολούθησε φυγοκέντρηση στις 13.000 στροφές ανά λεπτό για 20 λεπτά, κατά τη διάρκεια της οποίας κατακάθισαν τα αδιάλυτα συστατικά του ομογενοποιήματος (κυρίως μεμβράνες, αλλά και κύτταρα που δεν είχαν διαρρηχθεί). Στο τέλος διακρίθηκε το ίζημα και το υπερκείμενο, που περιείχε το πρωτεϊνικό εκχύλισμα. Αναστολείς πρωτεασών (Roche) προστέθηκαν σε τελική συγκέντρωση 3,6% ο/ο.

Προσδιορισμός συγκέντρωσης πρωτεΐνης με τη μέθοδο Bradford

Λήφθηκε δείγμα από κάθε εκχύλισμα και αραιώθηκε 10-20 φορές σε υπέρ-καθαρό νερό (συνήθως 2 μl δείγματος σε 18μl υπέρ-καθαρού νερού ή 2 μl δείγματος σε 38 μl υπέρ-καθαρό νερού αντίστοιχα). Στη συνέχεια 10 μl από κάθε αραιωμένο δείγμα προστέθηκαν σε 1 ml αντιδραστήριου Bradford, το οποίο βρισκόταν ήδη μέσα σε κυβέττα φωτόμετρου. Μετά από ελαφρά ανάδευση η κυβέττα αφήθηκε σε

σκοτεινό σημείο για 5 λεπτά. Παράλληλα ετοιμάστηκαν και πρότυπα διαλύματα πρωτεΐνης (αλβουμίνη ορού βοός) γνωστών συγκεντρώσεων (0, 0,2, 0,4, 0,6, 0,8 και 1 mg/ml). Αναμείχθηκαν 10 μl από το διάλυμα κάθε συγκέντρωσης με 1 ml αντιδραστηρίου Bradford σε κυβέττα και αφέθηκαν επίσης σε σκοτεινό σημείο για 5 λεπτά. Τα πρότυπα διαλύματα χρησιμοποιήθηκαν για την κατασκευή πρότυπης καμπύλης μέσω της οποίας υπολογίστηκε η συγκέντρωση των άγνωστων δειγμάτων. Στη συνέχεια οι κυβέττες τοποθετήθηκαν στο φωτόμετρο, το οποίο υπολογίζει αυτόματα τις συγκεντρώσεις των αραιωμένων δειγμάτων μετρώντας την απορρόφηση στα 595 nm. Για τον υπολογισμό της συγκέντρωσης των δειγμάτων λήφθηκε υπόψη και ο συντελεστής αραιώσης.

Πρωτεωμική ανάλυση με τη μέθοδο GeLC-MS/MS

Προετοιμασία δειγμάτων για LC-MS/MS

Η τεχνική GeLC-MS/MS χρησιμοποιείται ευρέως γιατί συνδυάζει 1) την απομόνωση των πρωτεϊνών από πήκτωμα (SDS-PAGE) και 2) την ανάλυση με LC-MS/MS η οποία είναι μια πάρα πολύ ευαίσθητη τεχνική όσον αφορά την αναγνώριση των πρωτεϊνών. Η συγκεκριμένη τεχνική έχει εφαρμοστεί ευρέως καθώς μπορούν να αναλυθούν ακόμη και λίγα (10-20) μg πρωτεΐνης με μεγάλη ευαισθησία [88].

Για την παρούσα ανάλυση τέσσερα βιολογικά αντίγραφα από κάθε κυτταρική σειρά αναλύθηκαν για την εξαγωγή στατιστικά σημαντικών αποτελεσμάτων. Δέκα μg δείγματος φορτώθηκαν σε πήκτωμα ακρυλαμίδης SDS-PAGE (5% πήκτωμα επιστοίβαξης, 12% πήκτωμα διαχωρισμού). Η ηλεκτροφόρηση σταμάτησε όταν τα δείγματα

μπήκαν στο πήκτωμα διαχωρισμού, έτσι ώστε το πρωτεϊνικό περιεχόμενο να συγκεντρωθεί σε μία ζώνη για κάθε δείγμα. Κάθε πήκτωμα μονιμοποιήθηκε με 30% μεθανόλη, 10% οξικό οξύ για 30 λεπτά. Τα πηκτώματα πλύθηκαν 3 φορές για 10 λεπτά με νερό και η χρώση πραγματοποιήθηκε με Coomassie κατά τη διάρκεια της νύχτας. Τα πηκτώματα πλύθηκαν με νερό 3 φορές για 10 λεπτά και κάθε πρωτεϊνική ζώνη κόπηκε σε μικρούς κύβους ακμής 1-2 mm. Τα κομμάτια πηκτώματος αποχρωματίστηκαν με 40% ακετονιτρίλιο, 50 mM NH_4HCO_3 (όξινο ανθρακικό αμμώνιο) μέχρι να γίνουν τελείως διαφανή. Η αναγωγή πραγματοποιήθηκε με 10 mM διθειοερυθρίτολη (DTE) σε 100 mM NH_4HCO_3 για 20 λεπτά, σε θερμοκρασία δωματίου. Η αλκυλίωση πραγματοποιήθηκε με 10 mg/ml ιωδοακεταμίδιο σε 100 mM NH_4HCO_3 για 20 λεπτά, στο σκοτάδι σε θερμοκρασία δωματίου. Έπειτα, ένα ξέπλυμα πραγματοποιήθηκε με 100 mM NH_4HCO_3 για 20 λεπτά σε θερμοκρασία δωματίου, ακολουθούμενο από ένα ξέπλυμα με διάλυμα αποχρωματισμού για 20 λεπτά σε θερμοκρασία δωματίου. Τέλος, τα δείγματα πλύθηκαν άλλη μια φορά με νερό για 20 λεπτά σε θερμοκρασία δωματίου. Μετά, τα κομμάτια πηκτώματος αποξηράνθηκαν με φυγοκέντρηση υπό κενό (SpeedVac). Κάθε δείγμα θρυψινοποιήθηκε προσθέτοντας 600 ng θρυψίνης (αρχικό διάλυμα θρυψίνης: 10 ng/μl σε 10 mM NH_4HCO_3 , pH 8.5, Roche). Τα πεπτίδια απομονώθηκαν με την εξής διαδικασία: Αρχικά, τα πεπτίδια επωάστηκαν με 50 mM NH_4HCO_3 για 15 λεπτά σε θερμοκρασία δωματίου και το υπερκείμενο φυλάχθηκε σε καθαρό σωληνάριο. Έπειτα, τα πεπτίδια επωάστηκαν με 10% μυρμηκικό οξύ και ακετονιτρίλιο (1:1) για 15 λεπτά σε θερμοκρασία δωματίου. Το υπερκείμενο αναμείχθηκε με το προηγούμενο. Η επώαση με 10% μυρμηκικό οξύ και ακετονιτρίλιο (1:1) επαναλήφθηκε για 15 λεπτά σε θερμοκρασία δωματίου. Το υπερκείμενο αναμείχθηκε με το προηγούμενο.

Τα πεπτίδια που εκχυλίστηκαν με τον παραπάνω τρόπο (600 μl) καθαρίστηκαν με φίλτρα PVDF (Merck Millipore) και έπειτα αποξηράνθηκαν υπό κενό με SpeedVac. Τα αποξηραμένα πεπτίδια διαλυτοποιήθηκαν σε 10 μl κινητής φάσης A (0,1% μυρμηκικό οξύ).

Ανάλυση με LC-MS/MS

Τα πειράματα LC-MS/MS πραγματοποιήθηκαν στο σύστημα υγρής χρωματογραφίας Dionex Ultimate 3000 UHPLC το οποίο ήταν συζευγμένο με το υψηλής ανάλυσης σύστημα νανο-ηλεκτροψεκασμού σε συνδυασμό με παγίδα ιόντων (nano-ESI Orbitrap-Elite mass spectrometer, Thermo Scientific). Κάθε δείγμα ανασυστάθηκε σε 10 μl κινητής φάσης A (0,1 ο/ο% μυρμηκικό Οξύ) και 5 μl δείγματος εισήχθη στην χρωματογραφική προστήλη (Acclaim PerMap 100, 100 μm × 2 cm C18, 5 μm, 100 Å) με ροή 5 μl/min. Ο διαχωρισμός των πεπτιδίων έγινε σε χρωματογραφική στήλη (Acclaim PerMap RSLC, 75 μm × 50 cm, nanoViper, C18, 2 μm, 100 Å) η οποία ήταν συνδεδεμένη με πηγή νανο-ηλεκτροψεκασμού μέσω υάλινης βελόνας επικαλυμμένης με μέταλλο (PicoTip). Τα πεπτίδια διαχωρίστηκαν με σταδιακή έκλουση. Η κινητή φάση A αποτελούταν από 0,1 % μυρμηκικό οξύ και η κινητή φάση B αποτελούταν από ακετονιτρίλιο και 0,1% μυρμηκικό οξύ. Τα πεπτίδια εκλούστηκαν και διαχωρίστηκαν με διαβάθμιση συγκέντρωσης για 240 λεπτά από 2% σε 33% κινητής φάσης B. Ο ρυθμός ροής ήταν 300 nL/min και η θερμοκρασία της στήλης τέθηκε στους 35 °C. Η μετάβαση των διαχωρισμένων πεπτιδίων στην αέρια φάση έγινε με ηλεκτροψεκασμό θετικών ιόντων υπό τάση 2,5 kV. Σε κάθε αναζήτηση φάσματος MS, τα 10 πιο άφθονα πολλαπλά φορτισμένα πρόδρομα ιόντα με αναλογίες m/z από 300 ως 2200 και όριο έντασης 500 μετρήσεις (counts) επελέχθησαν με μετασχηματισμό Φουριέ (FT) διακριτικότητας 60.000 και υπέστην

θραυσματοποίηση HCD (Higher-Energy Collisional Dissociation). Τα φάσματα μάζας συλλέχθηκαν με διακριτικότητα FT 15.000. Η κανονικοποιημένη ενέργεια θραυσματοποίησης ήταν 33 και τα επιλεγμένα πρόδρομα ιόντα αποκλείστηκαν για περαιτέρω απομόνωση και ενεργοποίηση για 45 δευτερόλεπτα με 5 ppm όριο σφάλματος μάζας.

Τα δεδομένα συλλέχθηκαν χρησιμοποιώντας το λογισμικό Xcalibur software (Thermo Electron Corp.) και η ανάλυση των πεπτιδίων πραγματοποιήθηκε χρησιμοποιώντας τον αλγόριθμο Sequest στο λογισμικό Proteome Discoverer 1.4 (Thermo) και την ανθρώπινη βάση δεδομένων της Uniprot. Η αναζήτηση πραγματοποιήθηκε χρησιμοποιώντας την καρβαμιδομεθυλίωση των κυστεϊνών ως στατική και την οξείδωση της μεθειονίνης ως δυναμική τροποποίηση. Τα όρια σφάλματος που επιτράπηκαν ήταν 10 ppm για το πρόδρομο πεπτίδιο και 0,05 Da για τα παραγόμενα θραύσματα. Τα αποτελέσματα του Sequest εκτιμήθηκαν για τον αποκλεισμό των ψευδώς θετικών αναγνωρίσεων.

Ποσοτικοποίηση και στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων της ανάλυσης LC-MS/MS

Η ποσοτικοποίηση πραγματοποιήθηκε στο επίπεδο των πεπτιδίων όπως έχει περιγραφεί προηγουμένως [89]. Συγκεκριμένα, εφόσον κάθε πεπτίδιο μπορεί να συσχετιστεί με 2 (ή περισσότερες) διαφορετικές αλληλουχίες, συλλέχθηκαν δεδομένα για τις κυριότερες πέντε κατηγοριοποιημένες αλληλουχίες. Οι παραπάνω αλληλουχίες εξισορροπήθηκαν έτσι ώστε η πιο πιθανή αλληλουχία ανά πεπτίδιο να ανατίθεται, βελτιώνοντας την συνοχή των δεδομένων. Χρησιμοποιήθηκε ένα λογισμικό που αναπτύχθηκε από συνεργάτες (όπως περιγράφεται παρακάτω), για την επίτευξη του παραπάνω στόχου. Η λίστα των

πεπτιδίων εξήχθη από το Proteome Discoverer και υπέστη την περαιτέρω επεξεργασία: Σε κάθε φάσμα, η αντίστοιχη αλληλουχία καθορίστηκε βάση του σχετικού αριθμού αναγνωρίσεων της αλληλουχίας σε κάθε δείγμα. Η σχετική ποσοτική ανάλυση πραγματοποιήθηκε βασιζόμενη στις τιμές των πεπτιδίων. Οι αλληλουχίες που αποκτήθηκαν για όλα τα βιολογικά αντίγραφα ενοποιήθηκαν. Τα πεπτίδια αντιστοιχήθηκαν στις αντίστοιχες πρωτεΐνες μετά την ενοποίηση της λίστας των πεπτιδίων των 4 βιολογικών δειγμάτων ανά κατηγορία. Τα πεπτίδια που αντιστοιχούσαν σε πολλαπλές πρωτεΐνες αντιστοιχήθηκαν στην πρωτεΐνη που ταυτοποιήθηκε με τον υψηλότερο βαθμό πεπτιδίων (σύμφωνα με τον κανόνα «Occam's Razor»). Εξαιτίας μίας δυσλειτουργίας στο λογισμικό «Proteome Discoverer», σε ένα περιορισμένο αριθμό αναγνωρισμένων πεπτιδίων η τιμή της έντασής τους δεν ανακτήθηκε. Σε τέτοιες περιπτώσεις, οι απολεσθείσες τιμές αντικαταστάθηκαν από τον μέσο όρο σε κάθε ομάδα. Μόνο οι πρωτεΐνες που ήταν παρούσες στο 75% των δειγμάτων σε μία ομάδα (3 από τα 4 βιολογικά αντίγραφα) αναλύθηκαν περαιτέρω με ποσοτικοποίηση και στατιστική ανάλυση. Οι πρωτεϊνικές αλλαγές με λόγο έκφρασης ≥ 2 και ταυτόχρονη στατιστική σημαντικότητα (Mann-Whitney p-value $\leq 0,05$) ήταν οι διαφορικά εκφραζόμενες και αυτές που συμπεριλήφθηκαν στην περαιτέρω ανάλυση.

Βιοπληροφορική ανάλυση αποτελεσμάτων πρωτεωμικής μελέτης με τη μέθοδο GeLC-MS/MS

Η λειτουργική ανάλυση των αποτελεσμάτων της πρωτεωμικής μελέτης με τη μέθοδο GeLC-MS/MS πραγματοποιήθηκε με την επέκταση ClueGo [90] του προγράμματος Cytoscape 3.4.0 [91]. Τα μοριακά

μονοπάτια ανακτήθηκαν από τη βάση δεδομένων Reactome (<https://reactome.org/>) και μόνο τα στατιστικά σημαντικά μοριακά μονοπάτια (Bonferroni corrected p-value ≤ 0.05 , two-sided hypergeometric test) λήφθηκαν υπόψιν. Όλες οι υπόλοιπες παράμετροι χρησιμοποιήθηκαν όπως ήταν προκαθορισμένες. Τα αποτελέσματα αποποιήθηκαν με βάση τη σχετικότητά τους με τη βιολογία του καρκίνου και μόνο οι κύριοι όροι (leading terms) από κάθε ομάδα μονοπατιών παρουσιάζονται.

Βιβλιογραφική ανασκόπηση

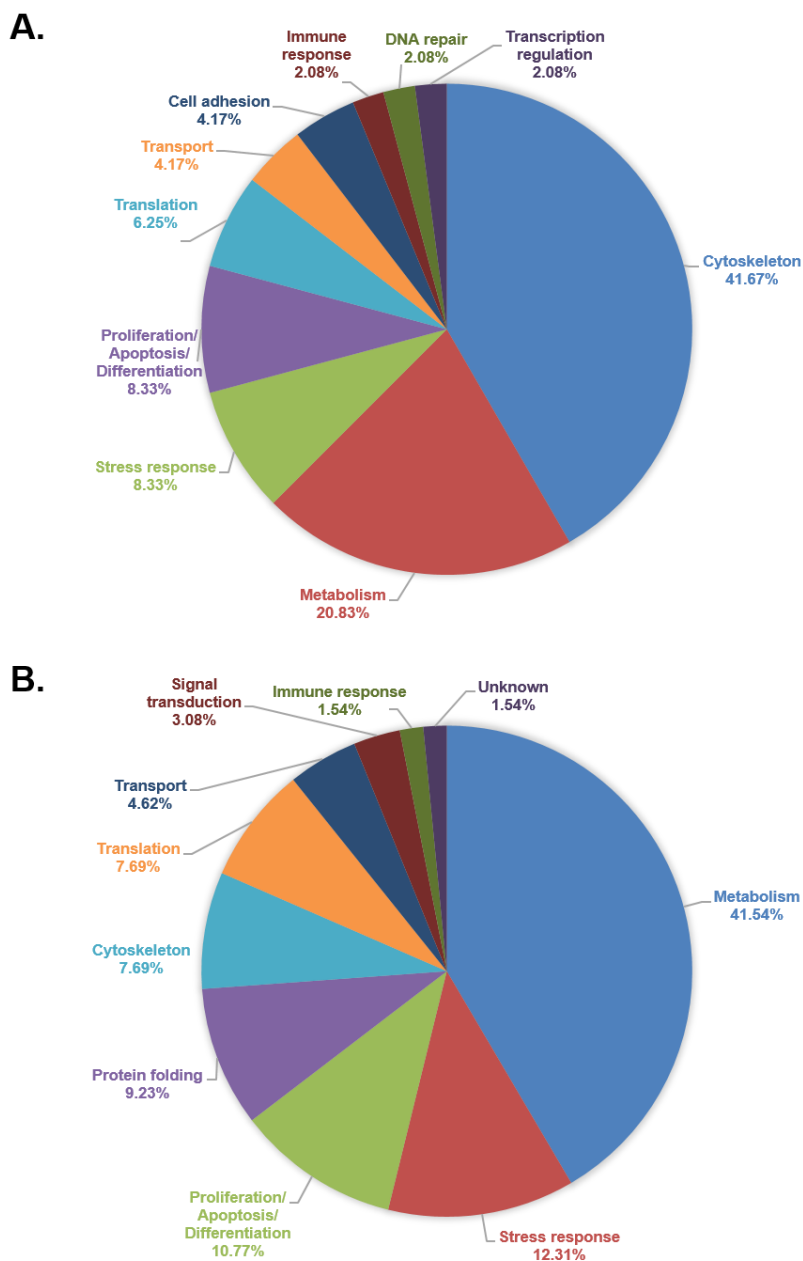
Η μελέτη της βιβλιογραφίας για τις διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες από την πρωτεωμική μελέτη με τη μέθοδο GeLC-MS/MS έγινε μέσω των βάσεων δεδομένων Pubmed και Quertle.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ

Βιοπληροφορική ανάλυση αποτελεσμάτων πρωτεωμικής μελέτης με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας

Η λειτουργική ανάλυση των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών ανάμεσα στη φυσιολογική και τις καρκινικές κυτταρικές σειρές τραχήλου της μήτρας της πρωτεωμικής ανάλυσης με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας αποκάλυψε ότι το μεγαλύτερο ποσοστό των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών συμμετέχει σε διεργασίες του κυτταροσκελετού, του μεταβολισμού, και της απόκρισης στο στρες, όπως φαίνεται στην Εικόνα 5.

Η μελέτη των μοριακών μονοπατιών στα οποία συμμετέχουν οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες από την πρωτεωμική ανάλυση με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας που πραγματοποιήθηκε με την πλατφόρμα Ingenuity Pathway Analysis, ανέδειξε πολλά μονοπάτια τα οποία συμφωνούν με τη λειτουργική ανάλυση και αποτελούν σε μεγάλο βαθμό μέρη του κυτταροσκελετού, μεταβολισμού, και της απόκρισης στο στρες. Το σύνολο των μοριακών μονοπατιών που προέκυψε από αυτή την ανάλυση, παρουσιάζονται στον Πίνακα 1, όπου περιλαμβάνονται και οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες που συμμετέχουν στο κάθε μονοπάτι [83].



Εικόνα 5. Λειτουργική περιγραφή των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών ανάμεσα στη φυσιολογική και τις καρκινικές κυτταρικές σειρές τραχήλου της μήτρας της πρωτεωμικής ανάλυσης με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας. Α. Λειτουργική περιγραφή των πρωτεϊνών με μειωμένη έκφραση στις καρκινικές κυτταρικές σειρές σε σχέση με τη φυσιολογική. Β. Λειτουργική περιγραφή των πρωτεϊνών με αυξημένη έκφραση στις καρκινικές κυτταρικές σειρές σε σχέση με τη φυσιολογική.

Πίνακας 1. Μοριακά μονοπάτια τα οποία προέκυψαν από την ανάλυση με την πλατφόρμα Ingenuity Pathway Analysis των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών ανάμεσα στις καρκινικές και τη φυσιολογική κυτταρική σειρά τραχήλου της μήτρας από την πρωτεωμική ανάλυση με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας.

Μοριακά μονοπάτια	p-value	Διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες από την πρωτεωμική ανάλυση με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας
Unfolded protein response	4.17E-10	CALR, HSPA1A/HSPA1B, HSPA9, HSPA8, HSPA5, VCP, HSPA6, P4HB
Remodeling of Epithelial Adherens Junctions	2.82E-09	TUBB2A, TUBB4A, VCL, ACTG1, TUBB, TUBB2B, NME1, TUBB4B
Protein Ubiquitination Pathway	1.17E-07	HSPB1, HSPA1A/HSPA1B, HSPA9, PSMA4, PSMA7, HSPA8, HSPA5, HSPD1, PSMA2, PSMB2, HSPA6
Glycolysis I	1.91E-07	TPI1, PGAM1, PGK1, GAPDH, ALDOA
14-3-3-mediated Signaling	2.09E-07	TUBB2A, VIM, TUBB4A, SFN, TUBB, TUBB2B, GRB2, TUBB4B
Mitochondrial Dysfunction	3.31E-07	HSD17B10, VDAC1, PARK7, PRDX5, VDAC2, ATP5A1, ATP5H, PRDX3, ATP5B
Gluconeogenesis I	8.91E-06	PGAM1, PGK1, GAPDH, ALDOA
Aldosterone Signaling in Epithelial Cells	1.70E-05	HSPB1, HSPA1A/HSPA1B, HSPA9, HSPA8, HSPA5, HSPD1, HSPA6
Gap Junction Signaling	1.95E-05	TUBB2A, TUBB4A, ACTG1, TUBB, TUBB2B, GRB2, TUBB4B
Purine Nucleotides De Novo Biosynthesis II	3.09E-05	IMPDP2, GMPS, ATIC
Breast Cancer Regulation by Stathmin1	7.41E-05	TUBB2A, TUBB4A, GNB2L1, TUBB, TUBB2B, GRB2, TUBB4B
eNOS Signaling	9.55E-04	HSPA1A/HSPA1B, HSPA9, HSPA8, HSPA5, HSPA6
VEGF Signaling	1.41E-03	SFN, VCL, ACTG1, GRB2
Glucocorticoid Receptor Signaling	2.75E-03	HSPA1A/HSPA1B, HSPA9, HSPA8, HSPA5, GRB2, HSPA6
NRF2-mediated Oxidative Stress Response	2.75E-03	ACTG1, ERP29, VCP, PRDX1, STIP1
FAK Signaling	1.12E-02	VCL, ACTG1, GRB2
Death Receptor Signaling	1.32E-02	HSPB1, ACTG1, LMNA
EIF2 Signaling	1.74E-02	GRB2, EIF3I, RPLP0, RPSA
Paxillin Signaling	1.74E-02	VCL, ACTG1, GRB2
Oxidative Phosphorylation	2.04E-02	ATP5A1, ATP5H, ATP5B
Actin Cytoskeleton Signaling	2.88E-02	CFL1, VCL, ACTG1, GRB2
Signaling by Rho Family GTPases	3.63E-02	VIM, CFL1, ACTG1, GNB2L1
Regulation of eIF4 and p70S6K Signaling	4.37E-02	GRB2, EIF3I, RPSA

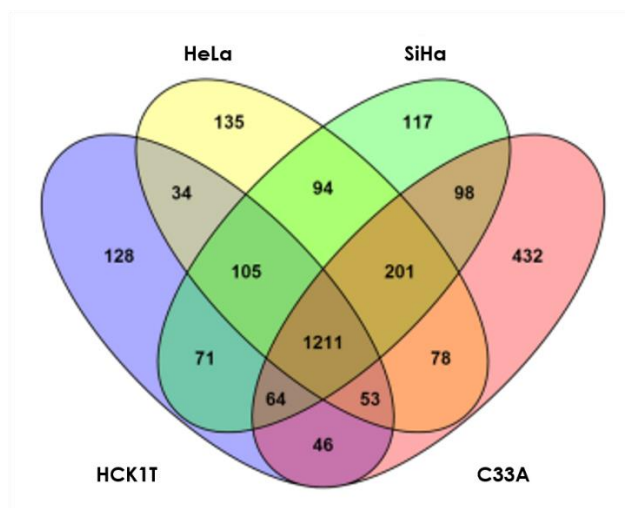
Πρωτεωμική μελέτη με τη μέθοδο GeLC-MS/MS

Πρωτεϊνικές αναγνωρίσεις ανά κυτταρική σειρά

Οι συνολικές αναγνωρίσεις από κάθε κυτταρική σειρά ήταν 2.500-3.500 περίπου, από τις οποίες περίπου το 65% εμφανίστηκε σε

τουλάχιστον τρία από τα τέσσερα δείγματα για κάθε κυτταρική σειρά. Συγκεκριμένα, από το ολικό πρωτεϊνικό εκχύλισμα της φυσιολογική κυτταρικής σειράς HCK1T προέκυψαν συνολικά 2.607 πρωτεϊνικές αναγνωρίσεις ενώ το 66% αυτών (1.712 αναγνωρίσεις) βρέθηκε σε τουλάχιστον τρία από τα τέσσερα βιολογικά αντίγραφα. Όσον αφορά τις καρκινικές κυτταρικές σειρές, οι συνολικές πρωτεϊνικές αναγνωρίσεις ήταν 2.859, 2.902 και 3.405 από τις σειρές HeLa, SiHa και C33A, αντίστοιχα. Μάλιστα, για την κυτταρική σειρά HeLa οι αναγνωρίσεις που προέκυψαν σε τουλάχιστον τρία από τα τέσσερα (75%) βιολογικά αντίγραφα ήταν 1.911 (67%), για τη SiHa 1.961 (68%) και για τη C33A 2.183 (64%).

Λαμβάνοντας υπόψιν μόνο τις επαναλήψιμες αναγνωρίσεις, δηλαδή εκείνες που προέκυψαν σε τουλάχιστον τρία από τα τέσσερα βιολογικά αντίγραφα κυτταρική σειρά, διαπιστώθηκε πως περίπου οι μισές από τις πρωτεΐνες βρίσκονται και στις τέσσερις κυτταρικές σειρές. Όπως φαίνεται και στην Εικόνα 6, φαίνεται να υπάρχει ένας κύριος «πυρήνας» από 1.211 πρωτεΐνες οι οποίες εκφράζονται και από τις τέσσερις κυτταρικές σειρές, ενώ αρκετές είναι αυτές που έχουν μοναδική έκφραση και χαρακτηρίζουν την κάθε σειρά.



Εικόνα 6. Διάγραμμα Venn στο οποίο απεικονίζονται οι επαναλήψιμες πρωτεϊνικές αναγνωρίσεις από κάθε κυτταρική σειρά και οι κοινές πρωτεΐνες μεταξύ αυτών.

Μελέτη διαφορικής έκφρασης πρωτεϊνών ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές καρκίνου του τραχήλου της μήτρας και φυσιολογικών κερατινοκυττάρων

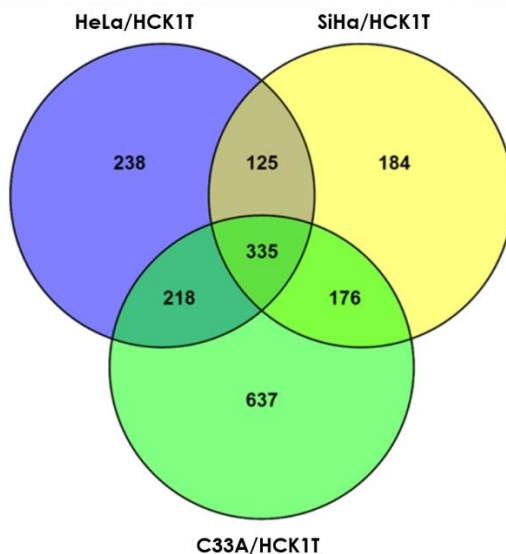
Με στόχο την εύρεση των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών που πιθανά εμπλέκονται στην καρκινογένεση, πραγματοποιήθηκε σύγκριση μεταξύ των πρωτεωμάτων των καρκινικών κυτταρικών σειρών του τραχήλου της μήτρας με αυτό της φυσιολογικής κυτταρικής σειράς. Οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες από τη σύγκριση της φυσιολογικής κυτταρικής σειράς, HCK1T, και των καρκινικών κυτταρικών σειρών ήταν 919, 826 και 1.370 για τις HeLa, SiHa και C-33A, αντίστοιχα. Αναλυτικά, οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανά σύγκριση, παρουσιάζονται στον Πίνακα 2.

Τα σύνολα των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών από κάθε σύγκριση μεταξύ της φυσιολογικής κυτταρικής σειράς και των καρκινικών, συγκρίθηκαν μεταξύ τους ώστε να προκύψουν οι κοινές

διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες. Όπως φαίνεται στην Εικόνα 7, 335 πρωτεΐνες παρουσίασαν διαφορετική έκφραση και στις τρεις συγκρίσεις.

Πίνακας 2. Διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανά σύγκριση.

	HeLa/HCK1T	SiHa/HCK1T	C-33A/HCK1T
Διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες	919	826	1.370
Αυξημένες πρωτεΐνες	321	310	497
Μειωμένες πρωτεΐνες	165	138	174
Πρωτεΐνες μοναδικές στην καρκινική κυτταρική σειρά	257	224	472
Πρωτεΐνες μοναδικές στα HCK1T	176	154	227

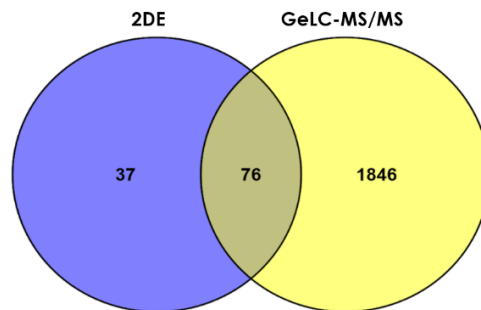


Εικόνα 7. Διάγραμμα Vennn στο οποίο απεικονίζονται οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανά σύγκριση και οι κοινές μεταξύ των συγκρίσεων

Στους Πίνακες I, II και III του Παραρτήματος, παρουσιάζονται οι διαφορικά εκφραζόμενες για τις συγκρίσεις HeLa/HCK1T, SiHa/HCK1T και C33A/HCK1T, αντίστοιχα.

Σύγκριση με τα αποτελέσματα της πρωτεωμικής ανάλυσης με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας

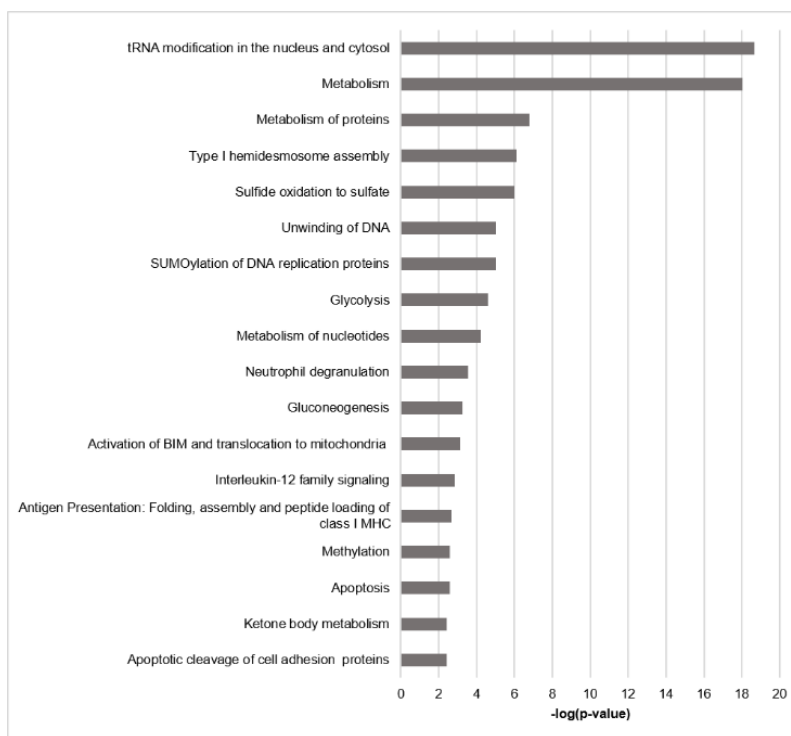
Στη συνέχεια, πραγματοποιήθηκε σύγκριση του συνόλου των διαφορετικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών ανάμεσα στις καρκινικές κυτταρικές σειρές και τη φυσιολογική κυτταρική σειρά που προέκυψαν από τη μελέτη με τη μέθοδο GeLC-MS/MS με τα αποτελέσματα των πειραμάτων δισδιάστατης ηλεκτροφόρησης που πραγματοποιήθηκαν στο παρελθόν. Όπως είναι αναμενόμενο, εφόσον η ανάλυση GeLC-MS/MS είναι μέθοδος με πολύ μεγαλύτερη ευαισθησία από τη δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση σε συνδυασμό με φασματομετρία μάζας (2DE MALDI-MS), ο αριθμός πρωτεϊνικών αναγνωρίσεων και, συνεπώς, διαφορετικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών είναι αρκετά υψηλότερος. Έτσι, όπως παρουσιάζεται στην Εικόνα 8, οι κοινές διαφορετικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις δύο μεθόδους είναι 76, και αποτελούν το 67% των αναγνωρίσεων από τα πειράματα 2DE MALDI-MS.



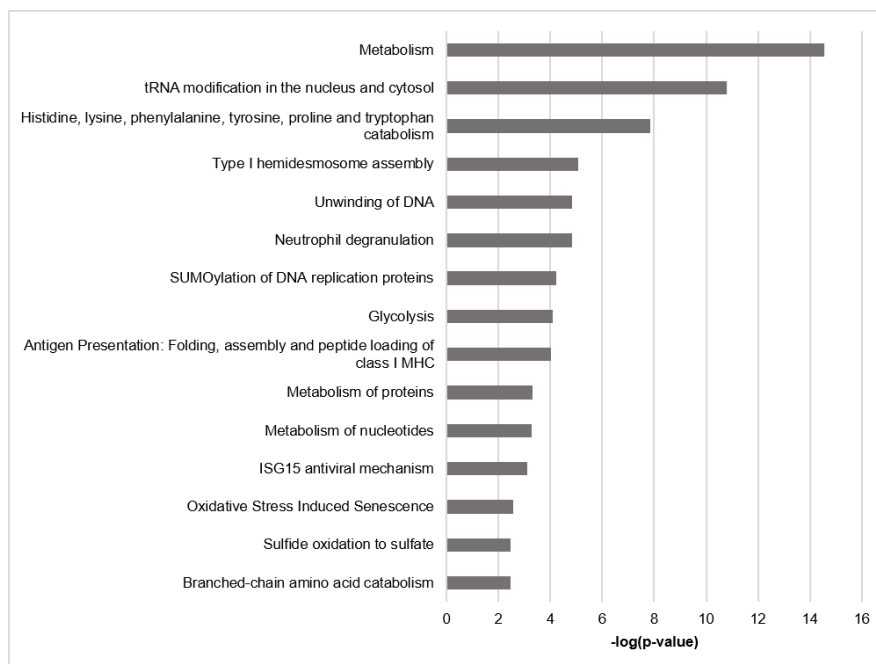
Εικόνα 8. Διάγραμμα Venn στο οποίο απεικονίζονται οι διαφορετικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες που προέκυψαν από τις δύο πειραματικές μεθόδους, 2DE MALDI-MS και GeLC-MS/MS.

Βιοπληροφορική ανάλυση των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών της πρωτεωμικής μελέτης με τη μέθοδο GeLC-MS/MS

Η ανάλυση εμπλουτισμού μοριακών μονοπατιών για τις διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες από τις συγκρίσεις HeLa/HCK1T, SiHa/HCK1T και C33A/HCK1T όπως προέκυψαν από την πρωτεωμική μελέτη με τη μέθοδο geLC-MS/MS, πραγματοποιήθηκε με την επέκταση ClueGO του προγράμματος Cytoscape. Τα αποτελέσματα αυτών των αναλύσεων για τις συγκρίσεις HeLa/HCK1T, SiHa/HCK1T και C33A/HCK1T, παρουσιάζονται αναλυτικά στις Εικόνες 9-11 και στους Πίνακες IV-VI του Παραρτήματος, αντίστοιχα.

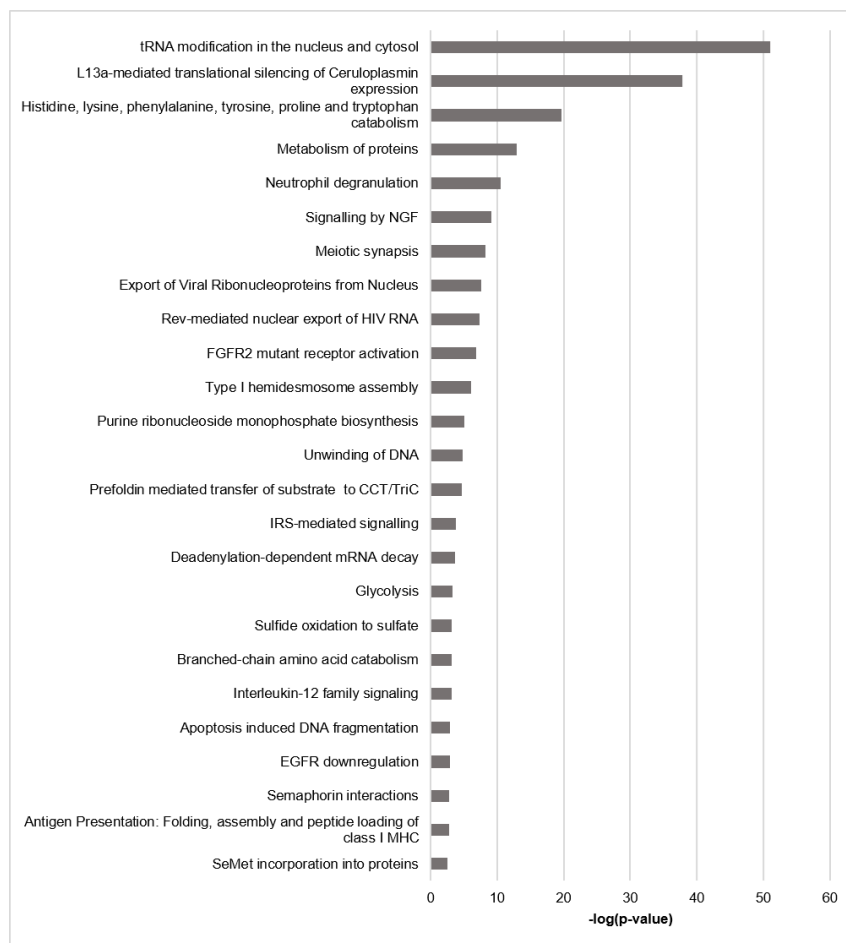


Εικόνα 9. Μοριακά μονοπάτια στα οποία εμπλέκονται οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές HeLa και HCK1T



Εικόνα 10. Μοριακά μονοπάτια στα οποία εμπλέκονται οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές SiHa και HCK1T

Μερικά από τα στατιστικά πιο σημαντικά μοριακά μονοπάτια που προέκυψαν από τη βιοπληροφορική ανάλυση και φαίνεται να επηρεάζεται η ρύθμιση τους ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές καρκίνου του τραχήλου της μήτρας και φυσιολογικών κερατινοκυττάρων, είναι ο μεταβολισμός των πρωτεϊνών και των νουκελοτιδίων, το ξεδίπλωμα του DNA, η γλυκόλυση, η γλυκονεογένεση, η απόπτωση και η γήρανση που οφείλεται σε οξειδωτικό στρες. Αυτά τα μοριακά μονοπάτια αντανακλούν τον κακοήθη φαινότυπο των καρκινικών κυττάρων τα οποία εμφανίζουν υψηλές μεταβολικές απαιτήσεις, αυξημένο κυτταρικό κύκλο και ενεργοποιημένους μηχανισμούς χειρισμού σφαλμάτων, όπως αναμένεται.



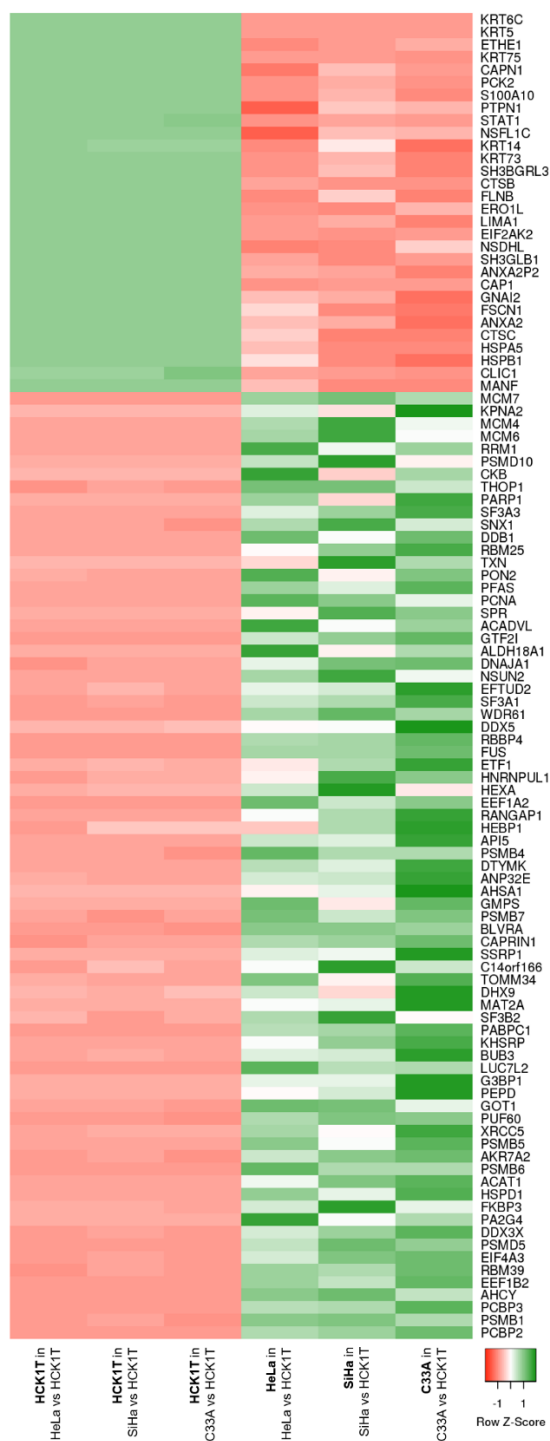
Εικόνα 11. Μοριακά μονοπάτια στα οποία εμπλέκονται οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές C33A και HCK1T

Διαλογή των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές καρκίνου του τραχήλου της μήτρας και φυσιολογικών κερατινοκυττάρων

Προκειμένου να επικεντρωθούμε στις πιο εμφανείς πρωτεϊνικές μεταβολές μεταξύ των κυτταρικών σειρών του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας και των φυσιολογικών κερατινοκυττάρων, ανεξάρτητα από την προέλευση του καρκίνου (παρουσία HPV μόλυνσης, τύπος HPV),

πραγματοποιήθηκε μία διαλογή των διαφορικά εκφρασμένων πρωτεϊνών που προέκυψαν από τις τρεις συγκρίσεις (HeLa/HCK1T, SiHa/CK1T και C33A/HCK1T). Ως πρώτο βήμα, επιλέχθηκαν μόνο οι πρωτεΐνες που ακολούθησαν την ίδια τάση έκφρασης στις καρκινικές σειρές έναντι της κυτταρικής σειράς ελέγχου. Οι πρωτεΐνες που αναγνωρίστηκαν με σε μία μόνο κυτταρική σειρά ανά σύγκριση εξαιρέθηκαν σε αυτό το σημείο εξαιτίας πιθανών τεχνικών περιορισμών, όπως η ποσότητα πρωτεΐνης που μπορεί να ήταν κάτω από το όριο ανίχνευσης της χρησιμοποιούμενης μεθόδου αλλά όχι πλήρως απύουσα, και της πιθανής δυσκολίας αναπαραγωγής της παρατήρησης, δηλαδή η απουσία της μπορεί να μην επιβεβαιωθεί με διαφορετική μέθοδο. Αυτή η πρώτη διαλογή οδήγησε σε μία λίστα από 105 σταθερές πρωτεωμικές μεταβολές μεταξύ των κυτταρικών σειρών καρκίνου του τραχήλου της μήτρας και των φυσιολογικών κερατινοκυττάρων. Αυτές οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες φαίνονται στην Εικόνα 12 με ένα διάγραμμα heatmap όπου τα επίπεδα της έκφρασης σε κάθε κυτταρική σειρά και σε κάθε σύγκριση αναπαριστώνται από την ένταση του χρώματος (πράσινο για αυξημένη και κόκκινο για μειωμένη). Ακόμη, οι πρωτεΐνες αυτές παρουσιάζονται αναλυτικά στον Πίνακα VII του Παραρτήματος.

Βασιλική Λυγηρού, MSc
 ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ



Εικόνα 12. Διάγραμμα heatmap των 105 διαφορεικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών με σταθερή τάση έκφρασης και στις τρεις συγκρίσεις HeLa/HCK1T, SiHa/HCK1T και C33A/HCK1T

Ανασκόπηση της βιβλιογραφίας για τον εντοπισμό πρωτεϊνών για περαιτέρω διερεύνηση

Πραγματοποιήθηκε, στη συνέχεια, εκτεταμένη ανασκόπηση της υπάρχουσας βιβλιογραφίας για τις 105 διαφορεικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες με συνεπή τάση έκφρασης και στις τρεις συγκρίσεις. Τα κριτήρια που χρησιμοποιήθηκαν για αυτή την ανασκόπηση ήταν η συσχέτιση της έκφρασης της κάθε πρωτεΐνης με τον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας και με άλλα είδη καρκίνου. Οι πρωτεΐνες που ορίστηκαν ως πρωτεΐνες ενδιαφέροντος και αξίζουν περαιτέρω διερεύνησης ήταν οι πρωτεΐνες οι οποίες δεν έχουν ακόμη μελετηθεί στα πλαίσια του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας, άρα αποτελούν νέα ευρήματα για τη νόσο, αλλά παράλληλα έχουν βρεθεί με παρόμοια τάση έκφρασης (αύξηση ή μείωση στον καρκίνο σε σχέση με το φυσιολογικό) σε άλλα είδη καρκίνου. Η ενδελεχής μελέτη της βιβλιογραφίας ανέδειξε 21 από τις 105 πρωτεΐνες ως πρωτεΐνες ενδιαφέροντος. Οι πρωτεΐνες αυτές παρουσιάζονται στον Πίνακα 3 και μπορούν να αποτελέσουν τη βάση για επόμενες μελέτες πάνω στην παθολογία του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας. Επιβεβαίωση των παρατηρήσεων από την πρωτεωμική μελέτη σε κλινικά δείγματα και λειτουργικές μελέτες για τις πρωτεΐνες αυτές αναμένεται να οδηγήσουν στην ανακάλυψη νέων διαγνωστικών και προγνωστικών δεικτών αλλά και θεραπευτικών στόχων.

Συνεκτιμώντας αυτά τα ευρήματα καθώς και τα αποτελέσματα της βιοπληροφορικής ανάλυσης, έγινε επιλογή 7 πρωτεϊνών ενδιαφέροντος. Οι πρωτεΐνες αυτές είναι οι εξής: LIM domain and actin-binding protein 1, Importin subunit alpha-1, Serum paraoxonase/arylesterase 2, Elongation factor 1-alpha 2, Caprin-1, Mitochondrial import receptor subunit TOM34, Ras GTPase-activating protein-binding protein 1. Για τις

πρωτεΐνες αυτές, έγινε επιλογή αντισωμάτων για πειράματα ανοσοϊστοχημείας σε δείγματα τραχήλου από υγιείς και ασθενείς με προκαρκινική δυσπλασία χαμηλής και υψηλής διαφοροποίησης καθώς και με και καρκίνο του τραχήλου της μήτρας. Ακόμη, για τις πρωτεΐνες LIM domain and actin-binding protein 1, Importin subunit alpha-1 και Ras GTPase-activating protein-binding protein 1 έχουν σχεδιαστεί και πειράματα λειτουργικής διερεύνησης ως επόμενο βήμα της παρούσας διδακτορικής διατριβής.

Πίνακας 3. Λίστα των 21 διαφορεικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών που ακολουθούν την ίδια τάση έκφρασης στις συγκρίσεις HeLa/HCK1T, SiHa/CK1T και C33A/HCK1T και αποτελούν νέα και ενδιαφέροντα ευρήματα για τον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας με βάση τη βιβλιογραφία

UniprotID	UniprotAccession	Symbol	Name	HeLa/HCK1T			SiHa/CK1T			C33A/HCK1T			literature on cancer in general		literature on cervical cancer
				#peptides	Ratio	Mann-Whitney	#peptides	Ratio	Mann-Whitney	#peptides	Ratio	Mann-Whitney	exists - trend compared to our findings	references	
Q9UHB6	LIM1_HUMAN	LIM1	LIM domain and actin-binding protein 1	6	0.1985	0.0286	7	0.2414	0.0286	6	0.0925	0.0286	yes - agrees	[92-95]	no
P52292	IMA1_HUMAN	KPNA2	Importin subunit alpha-1	9	124.0929	0.0286	6	46.8424	0.0286	13	351.6441	0.0286	yes - agrees	[96-100]	no
Q15165	PON2_HUMAN	PON2	Serum paraoxonase/arylesterase 2	4	12.9259	0.0286	2	4.8047	0.0286	3	11.9931	0.0286	yes - agrees	[101-103]	no
P31689	DNJA1_HUMAN	DNJA1	DnaJ homolog subfamily A member 1	4	7.7044	0.0286	7	6.6997	0.0286	6	7.4403	0.0286	yes - agrees	[104]	no

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q08023	NSUN2_HUMAN	NSUN2	tRNA (cytosine[34]-C(5))-methyltransferase	8	6.6338	0.0286	11	9.6039	0.0286	7	4.1982	0.0286	yes - agrees	[105-107]	no
P35637	FUS_HUMAN	FUS	RNA-binding protein FUS	4	5.2159	0.0286	4	5.0828	0.0286	3	6.4502	0.0286	yes - agrees	[108-110]	no
Q05639	EFTA2_HUMAN	EFTA2	Elongation factor 1-alpha 2	12	5.7537	0.0286	6	4.0330	0.0286	11	5.4075	0.0286	yes - agrees	[111-113]	no
P46060	RAGP1_HUMAN	RANGAP1	Ran GTPase-activating protein 1	5	3.1810	0.0286	7	4.6519	0.0286	7	7.2998	0.0286	yes - agrees	[114, 115]	no
P28070	PSB4_HUMAN	PSMB4	Proteasome subunit beta type-4	3	5.0964	0.0286	2	3.8826	0.0286	3	5.7409	0.0286	yes - agrees	[116-118]	no
O95433	AHSA1_HUMAN	AHSA1	Activator of 90 kDa heat shock protein ATPase homolog 1	2	2.8375	0.0286	4	3.2510	0.0286	5	8.0239	0.0286	yes - agrees	[119, 120]	no
P49915	GUAA_HUMAN	GMPS	GMP synthase [glutamine-hydrolyzing]	12	5.7338	0.0286	6	2.4047	0.0286	13	5.9319	0.0286	yes - agrees	[121, 122]	no
Q99436	PSB7_HUMAN	PSMB7	Proteasome subunit beta type-7	3	4.7583	0.0286	2	4.3594	0.0286	3	4.6000	0.0286	yes - agrees	[123, 124]	no
Q14444	CAPR1_HUMAN	CAPRIN1	Caprin-1	4	4.5196	0.0286	4	3.6992	0.0286	4	4.4385	0.0286	yes - agrees	[125-127]	no
Q08945	SSRP1_HUMAN	SSRP1	FACT complex subunit SSRP1	12	3.0061	0.0286	12	3.1507	0.0286	14	6.3384	0.0286	yes - agrees	[128, 129]	no

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q15785	TOM34_HUMAN	TOM34	Mitochondrial import receptor subunit TOM34	6	4.0246	0.0286	4	2.4795	0.0286	7	5.5645	0.0286	yes - agrees	[130, 131]	no
Q08211	DHX9_HUMAN	DHX9	ATP-dependent RNA helicase A	8	3.7270	0.0286	5	2.3608	0.0286	10	5.5006	0.0286	yes - agrees	[132, 133]	no
P31153	MEIK2_HUMAN	MEIK2	S-adenosylmethionine synthase isoform type-2	4	2.5523	0.0286	5	2.8874	0.0286	8	6.1348	0.0286	yes - agrees	[134, 135]	no
P11940	PABP1_HUMAN	PABPC1	Polyadenylate-binding protein 1	8	3.4025	0.0286	9	3.3059	0.0286	8	4.1894	0.0286	yes - agrees	[136, 137]	no
Q92945	FUBP2_HUMAN	KHSRP	Far upstream element-binding protein 2	6	2.2859	0.0286	9	3.6344	0.0286	9	4.9311	0.0286	yes - agrees	[138, 139]	no
Q13283	G3BP1_HUMAN	G3BP1	Ras GTPase-activating protein-binding protein 1	5	2.6465	0.0286	5	2.5652	0.0286	9	5.3924	0.0286	yes - agrees	[140, 141]	no
P24752	THIL_HUMAN	ACAT1	Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial	6	2.2640	0.0286	8	3.3223	0.0286	8	3.6844	0.0286	yes - agrees	[142-144]	no

ΣΥΖΗΤΗΣΗ

Παρά τις εξελίξεις στην ενημέρωση, την πρόληψη και την αντιμετώπιση του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας, παραμένει ο τέταρτος σε συχνότητα και θνησιμότητα τύπος καρκίνου στις γυναίκες παγκοσμίως. Σε αυτό, μεταξύ άλλων, συμβάλουν το υψηλό κόστος και ο τρόπος χορήγησης των εμβολίων για τον HPV, η χαμηλή διακριτική ικανότητα και η ανάγκη κατάλληλων υποδομών και εκπαίδευσης για το τεστ Παπ, καθώς και οι όχι πάντα αποτελεσματικές θεραπευτικές στρατηγικές που θέτουν σε σοβαρό κίνδυνο τη γονιμότητα.

Η βαθύτερη γνώση των βιολογικών διεργασιών και των μορίων που παίζουν κεντρικό ρόλο στην εξέλιξη του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας κρίνεται αναγκαία. Η πρωτεωμική ανάλυση αποτελεί το πλέον κατάλληλο εργαλείο για τη διερεύνηση των αλλαγών που συμβαίνουν στα σηματοδοτικά μονοπάτια, και ειδικά σε μία πολυεπίπεδη κατάσταση όπως ο καρκίνος. Συγκεκριμένα, η μελέτη των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών ανάμεσα στον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας και των φυσιολογικών τραχηλικών κερατινοκυττάρων αναμένεται να αναδείξει πρωτεΐνες που παίζουν κεντρικό ρόλο στις διαδικασίες κακοήθους μεταμόρφωσης του τραχηλικού επιθηλίου καθώς και μοριακά μονοπάτια των οποίων αλλάζει η ρύθμιση.

Στα πλαίσια της παρούσας διδακτορικής διατριβής χρησιμοποιήθηκαν τέσσερις κυτταρικές σειρές, αντιπροσωπευτικές των συχνότερων μολύνσεων από HPV (HeLa - HPV 18, SiHa - HPV 16), του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας χωρίς μόλυνση από HPV (C33A), καθώς και της αντίστοιχης κυτταρικής σειράς ελέγχου, που αποτελείται

από φυσιολογικά κερατινοκύτταρα του τραχήλου της μήτρας (HCK1T). Σε πρώτη φάση, πραγματοποιήθηκε λειτουργική ανάλυση των αποτελεσμάτων προηγούμενης πρωτεωμικής μελέτης με δισδιάστατη ηλεκτροφόρηση και φασματομετρία μάζας, που αποτελεί μέρος του ίδιου ερευνητικού προγράμματος και έγινε στα πλαίσια του μεταπτυχιακού προγράμματος που προηγήθηκε της παρούσας διδακτορικής διατριβής. Ο μεταβολισμός, η αναδιαμόρφωση του κυτταροσκελετού και η απόκριση στο στρες ήταν οι βιολογικές διαδικασίες στις οποίες εμπλέκονταν οι περισσότερες από τις διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις καρκινικές και τη φυσιολογική κυτταρική σειρά. Τα αποτελέσματα αυτής της ανάλυσης ήταν τα αναμενόμενα και επιβεβαίωσαν την αρτιότητα της μελέτης. Λόγω της επικείμενης πρωτεωμικής μελέτης στα ίδια κυτταρικά εκχυλίσματα με τεχνικές αρκετά υψηλότερης ευαισθησίας, δε δόθηκε περισσότερη προσοχή σε αυτά τα δεδομένα.

Η ανάλυση των πρωτεϊνικών εκχυλισμάτων των κυτταρικών σειρών τραχήλου της μήτρας με τη μέθοδο GeLC-MS/MS, προσέφερε ικανοποιητικό αριθμό αναγνωρίσεων (2.500-3.500 πρωτεΐνες ανά κυτταρική σειρά) με πολύ καλή αναπαραγωγιμότητα (~65% των πρωτεϊνών αναγνωρίστηκαν σε τουλάχιστον 75% των βιολογικών αντιγράφων ανά κυτταρική σειρά). Τα πρωτεωμικά προφίλ των κυτταρικών σειρών που προέκυψαν από αυτή την ανάλυση μπορούν να χρησιμοποιηθούν για περαιτέρω συγκρίσεις και αναλύσεις μέσω της βιολογίας συστημάτων.

Οι πρωτεΐνες που προέκυψαν από τη σύγκριση της κάθε καρκινικής κυτταρικής σειράς με τη φυσιολογική ως διαφορικά εκφραζόμενες παρέχουν χρήσιμη πληροφορία για τις μεταβολές στη

ρύθμιση των σηματοδοτικών μονοπατιών και των σημαντικών μορίων στον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας. Ακόμη, επιμέρους συγκρίσεις των πρωτεωμικών προφίλ των τεσσάρων κυτταρικών σειρών μπορούν να αναδείξουν διαφορές που σχετίζονται με τη μόλυνση από HPV και με τον τύπο του ιού.

Η λειτουργική ανάλυση των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές καρκίνου τραχήλου της μήτρας και φυσιολογικών κερατινοκυττάρων από τα πειράματα GeLC-MS/MS, και πάλι επιβεβαίωσε την ειδικότητα των αναγνωρίσεων και την ακρίβεια των μετρήσεων. Τα μοριακά μονοπάτια που εμφάνισαν αλλαγή στη ρύθμισή τους σχετίζονται με τις υψηλές ενεργειακές ανάγκες και τον αυξημένο κυτταρικό κύκλο που είναι γνωστό ότι υφίστανται στα καρκινικά κύτταρα [145].

Η διαλογή των διαφορικά εκφραζόμενων πρωτεϊνών με κριτήριο την κοινή τάση έκφρασης στις τρεις συγκρίσεις (HeLa/HCK1T, SiHa/CK1T και C33A/HCK1T) είχε ως αποτέλεσμα μία λίστα από 105 πρωτεΐνες οι οποίες μελετήθηκαν ενδελεχώς στη βιβλιογραφία. Οι πρωτεΐνες που δεν είχαν μελετηθεί προηγουμένως στον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας αλλά υπάρχουν δεδομένα για αυτές σε άλλους τύπους καρκίνων με παρόμοια τάση έκφρασης όπως και στην παρούσα μελέτη, είναι συνολικά 21 και αποτελούν τη βάση για περαιτέρω μελέτη και πειράματα. Μάλιστα, μετά από βαθύτερη διερεύνηση, ήταν εφικτό να επιλεγθούν 7 από αυτές για πειράματα επιβεβαίωσης και λειτουργικής μελέτης ως συνέχεια της παρούσας διατριβής. Μερικά από τα ευρήματα που οδήγησαν στην επιλογή αυτών πρωτεϊνών παρουσιάζονται παρακάτω.

Η πρωτεΐνη LIM domain and actin-binding protein 1 (LIMA1), η οποία εμπλέκεται στη ρύθμιση του κυτταροσκελετού ακτίνης, βρέθηκε σταθερά μειωμένη στον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας σε σύγκριση με τη φυσιολογική κυτταρική σειρά και στις τρεις συγκρίσεις που πραγματοποιήθηκαν στην παρούσα μελέτη, καθώς και σε διάφορους άλλους τύπους καρκίνου [95]. Φαίνεται ότι η έκφραση της LIMA1 μειώνεται σημαντικά με την εξέλιξη του καρκίνου και αυτή η απώλεια επάγει τη μετανάστευση και την εισβολή των καρκινικών κυττάρων ενώ σχετίζεται με κακή πρόγνωση [92]. Επιπλέον, η επαγόμενη υπερέκφραση της LIMA1 σε καρκινικά κύτταρα φαίνεται να αναστρέφει το μεταστατικό φαινότυπο και να μειώνει τη δυνατότητα μετανάστευσης, υποδηλώνοντας ότι η LIMA1 θα μπορούσε να είναι καλός φαρμακευτικός στόχος για θεραπεία καρκίνου [95]. Επιπλέον, η ανοσοϊστοχημική χρώση της LIMA1 σε καρκίνο των ωοθηκών έδειξε ότι λίγα δείγματα καρκίνου εξέφρασαν την πρωτεΐνη ενώ μειωμένη ρύθμιση της LIMA1 σε καρκινικά κύτταρα ωοθηκών είχαν ως αποτέλεσμα αυξημένη ανάπτυξη, εισβολή, προσκόλληση και μετανάστευση *in vitro* [93]. Ενδιαφέρον παρουσιάζει ότι η LIMA1 αναγνωρίστηκε ως στόχος της οικογένειας p53 και η μείωση της έκφρασης του γονιδίου μπορεί να είναι αποτέλεσμα της μετάλλαξης του p53 που οδηγεί στη μειωμένη επιβίωση των καρκινοπαθών [92].

Η πρωτεΐνη importin subunit alpha-1 (KPNA2) βρέθηκε σημαντικά αυξημένη στις κυτταρικές σειρές του καρκίνου του τραχήλου της μήτρας σε σύγκριση με τα φυσιολογικά κερατινοκύτταρα στην παρούσα πρωτεωμική μελέτη. Η KPNA2, η οποία εμπλέκεται στη νουκλεοκυτταροπλαστική διακίνηση, παρουσιάζει προγνωστικές δυνατότητες σε διάφορους τύπους καρκίνου. Συγκεκριμένα, η αυξημένη έκφραση της KPNA2 έχει συσχετιστεί με κακή πρόγνωση σε

αστροκυτταρικά γλοιώματα [100], γαστρικό αδενοκαρκίνωμα [98], καρκίνο του προστάτη [99], χολαγγειοκαρκίνωμα [97] και καρκίνο του παχέος εντέρου [96]. Ακόμη, στις πιο πρόσφατες μελέτες, η KPNA2 προτάθηκε ως θετικός προγνωστικός δείκτης για την ευαισθησία σε gemcitabine και την επιβίωση στο χολαγγειοκαρκίνωμα [97] και την επιβίωση μετά από ριζική χειρουργική επέμβαση του ορθού, στον καρκίνο του παχέος εντέρου [96].

Η πρωτεΐνη serum paraoxonase/arylesterase 2 (PON2) είναι ένα κυτταρικό αντιοξειδωτικό που εκφράζεται παντού και είχε αυξημένη έκφραση στον καρκίνο του τραχήλου και στις τρεις συγκρίσεις της παρούσας μελέτης. Η PON2 έχει προστατευτικό ρόλο στα κύτταρα καρκίνου του στόματος από πλακώδη κύτταρα, ενάντια στην απόπτωση που προκαλείται από την ακτινοβολία [102] και τα υψηλότερα επίπεδα της πρωτεΐνης συνδέονται με υψηλότερη υποτροπή σε ασθενείς με καρκίνο του στόματος από πλακώδη κύτταρα μετά από χειρουργική επέμβαση, ακτινοθεραπεία ή χημειοθεραπεία [146]. Αυξημένη έκφραση της PON2 έχει επίσης εντοπιστεί σε ιστό καρκίνου της ουροδόχου κύστης σε σύγκριση με φυσιολογικό ουροθήλιο ενώ η επαγόμενη υπερέκφραση του γονιδίου στα καρκινικά κύτταρα της ουροδόχου κύστης, οδήγησε σε υψηλότερα επίπεδα πολλαπλασιασμού των κυττάρων και αντοχής στον οξειδωτικό στρες [103]. Ωστόσο, μια πρόσφατη μελέτη έδειξε ότι το PON2 μπορεί επίσης να έχει ογκοκατασταλτικό ρόλο [147]. Συγκεκριμένα, η έκφραση της PON2 ήταν αυξημένη στα πρώιμα στάδια του καρκίνου των ωοθηκών σε σύγκριση με τον φυσιολογικό ιστό, αλλά όχι στα τελευταία στάδια της νόσου. Επιπλέον, η επαγόμενη υπερέκφραση της PON2 σε ξενομόσχευμα καρκίνου των ωοθηκών σε ποντικό είχε ως αποτέλεσμα τη μείωση του πολλαπλασιασμού των κυττάρων [147]. Παρόλο που τα

ευρήματα σχετικά με το ρόλο της PON2 σε καρκίνους διαφορετικής προέλευσης ποικίλλουν και χρήζουν περαιτέρω ερευνών, θα μπορούσε να είναι ένας πολλά υποσχόμενος φαρμακευτικός.

Η πρωτεΐνη caprin-1 (CAPRIN1) ήταν επίσης αυξημένη στον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας σε σύγκριση με τα φυσιολογικά κερατινοκύτταρα του τραχήλου της μήτρας. Η πρωτεΐνη αυτή θεωρείται ότι ενισχύει την ανάπτυξη όγκου οστεοσαρκώματος και μεταστάσεις στον πνεύμονα σε ποντικούς μέσω των μονοπατιών Akt και ERK1/2 [126]. Η CAPRIN1 βρέθηκε επίσης υπερεκφρασμένη σε κύτταρα καρκίνου του μαστού σε σύγκριση με τα φυσιολογικά κύτταρα μαστού και η επαγόμενη υπερέκφραση του γονιδίου ενίσχυσε τον πολλαπλασιασμό και την εισβολή των κυττάρων ενώ ο φαινότυπος αντιστράφηκε από το miRNA-223 [127]. Τέλος, με βάση τα ανοσοϊστοχημικά δεδομένα, η έκφραση της CAPRIN1 βρέθηκε αυξημένη στο ηπατοκυτταρικό καρκίνωμα σε σύγκριση με τον περινεοπλαστικό ιστό και συσχετίστηκε σημαντικά με χειρότερη επιβίωση ασθενών με ηπατοκυτταρικό καρκίνωμα [125].

Η πρωτεωμική ανάλυση με τη μέθοδο GeLC-MS/MS που διεξήχθη στα πλαίσια αυτής της διδακτορικής διατριβής, συγκρίνοντας τρεις διαφορετικές κυτταρικές σειρές καρκίνου του τραχήλου της μήτρας με φυσιολογικά τραχηλικά κερατινοκύτταρα, παρέχει ένα ολοκληρωμένο σύνολο πρωτεϊνών που απορρυθμίζονται στον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας. Τα παραγόμενα δεδομένα δίνουν νέες γνώσεις για τους μοριακούς μηχανισμούς και τους βασικούς ρυθμιστές της καρκινογένεσης του τραχήλου της μήτρας και μπορούν να αποτελέσουν τη βάση για περαιτέρω έρευνες και προσεγγίσεις της βιολογίας συστημάτων. Συγκεκριμένα, οι υποδεικνυόμενες πρωτεΐνες με πιθανή

κρίσιμη εμπλοκή στην κακοήθεια του τραχήλου μπορούν να χρησιμοποιηθούν για μελέτες επιβεβαίωσης σε κλινικά δείγματα και πειράματα λειτουργικής διερεύνησης. Συνολικά, η διατριβή αυτή συμβάλλει στην καλύτερη κατανόηση των βασικών μηχανισμών που είναι σημαντικοί για τον καρκίνο του τραχήλου της μήτρας και ανοίγει το δρόμο για την ανακάλυψη βιοδεικτών και την αναγνώριση νέων φαρμακευτικών στόχων.

ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΑ

1. Bray, F., et al., *Global cancer statistics 2018: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries*. CA Cancer J Clin, 2018.
2. Bray, F., et al., *Trends in cervical squamous cell carcinoma incidence in 13 European countries: changing risk and the effects of screening*. Cancer Epidemiol Biomarkers Prev, 2005. **14**(3): p. 677-86.
3. Bray, F., et al., *Incidence trends of adenocarcinoma of the cervix in 13 European countries*. Cancer Epidemiol Biomarkers Prev, 2005. **14**(9): p. 2191-9.
4. Bray, F., et al., *Patterns and trends in human papillomavirus-related diseases in Central and Eastern Europe and Central Asia*. Vaccine, 2013. **31 Suppl 7**: p. H32-45.
5. Wabinga, H.R., et al., *Trends in the incidence of cancer in Kampala, Uganda 1991-2010*. Int J Cancer, 2014. **135**(2): p. 432-9.
6. Chokunonga, E., et al., *Trends in the incidence of cancer in the black population of Harare, Zimbabwe 1991-2010*. Int J Cancer, 2013. **133**(3): p. 721-9.
7. Fujiwara, K., B. Monk, and M. Devouassoux-Shisheboran, *Adenocarcinoma of the uterine cervix: why is it different?* Curr Oncol Rep, 2014. **16**(12): p. 416.
8. Small, W., Jr., et al., *Cervical cancer: A global health crisis*. Cancer, 2017. **123**(13): p. 2404-2412.
9. Lee, S.J., et al., *Immunotherapy for human papillomavirus-associated disease and cervical cancer: review of clinical and translational research*. J Gynecol Oncol, 2016. **27**(5): p. e51.
10. Wright, A.A., et al., *Oncogenic mutations in cervical cancer: genomic differences between adenocarcinomas and squamous cell carcinomas of the cervix*. Cancer, 2013. **119**(21): p. 3776-83.
11. Ojesina, A.I., et al., *Landscape of genomic alterations in cervical carcinomas*. Nature, 2014. **506**(7488): p. 371-5.
12. Schmitt, M. and M. Pawlita, *The HPV transcriptome in HPV16 positive cell lines*. Mol Cell Probes, 2011. **25**(2-3): p. 108-13.
13. Ciesielska, U., et al., *The role of human papillomavirus in the malignant transformation of cervix epithelial cells and the importance of vaccination against this virus*. Adv Clin Exp Med, 2012. **21**(2): p. 235-44.

14. Narisawa-Saito, M. and T. Kiyono, *Basic mechanisms of high-risk human papillomavirus-induced carcinogenesis: roles of E6 and E7 proteins*. *Cancer Sci*, 2007. **98**(10): p. 1505-11.
15. Scheffner, M. and N.J. Whitaker, *Human papillomavirus-induced carcinogenesis and the ubiquitin-proteasome system*. *Semin Cancer Biol*, 2003. **13**(1): p. 59-67.
16. Tang, S., et al., *The E7 oncoprotein is translated from spliced E6*1 transcripts in high-risk human papillomavirus type 16- or type 18-positive cervical cancer cell lines via translation reinitiation*. *J Virol*, 2006. **80**(9): p. 4249-63.
17. Villanueva, R., et al., *Heparin (GAG-hed) inhibits LCR activity of human papillomavirus type 18 by decreasing AP1 binding*. *BMC Cancer*, 2006. **6**: p. 218.
18. Mistry, N., M. Simonsson, and M. Evander, *Transcriptional activation of the human papillomavirus type 5 and 16 long control region in cells from cutaneous and mucosal origin*. *Virol J*, 2007. **4**: p. 27.
19. Schiller, J.T., P.M. Day, and R.C. Kines, *Current understanding of the mechanism of HPV infection*. *Gynecol Oncol*, 2010. **118**(1 Suppl): p. S12-7.
20. Franco, E.L. and D.M. Harper, *Vaccination against human papillomavirus infection: a new paradigm in cervical cancer control*. *Vaccine*, 2005. **23**(17-18): p. 2388-94.
21. Zhao, Q., et al., *Disassembly and reassembly of human papillomavirus virus-like particles produces more virion-like antibody reactivity*. *Virol J*, 2012. **9**: p. 52.
22. *Human papillomavirus vaccines: WHO position paper, October 2014-Recommendations*. *Vaccine*, 2015. **33**(36): p. 4383-4.
23. Paavonen, J., et al., *Efficacy of human papillomavirus (HPV)-16/18 AS04-adjuvanted vaccine against cervical infection and precancer caused by oncogenic HPV types (PATRICIA): final analysis of a double-blind, randomised study in young women*. *Lancet*, 2009. **374**(9686): p. 301-14.
24. Group, F.I.S., *Quadrivalent vaccine against human papillomavirus to prevent high-grade cervical lesions*. *N Engl J Med*, 2007. **356**(19): p. 1915-27.
25. Herrero, R., et al., *Rationale and design of a community-based double-blind randomized clinical trial of an HPV 16 and 18 vaccine in Guanacaste, Costa Rica*. *Vaccine*, 2008. **26**(37): p. 4795-808.
26. Lehtinen, M., et al., *Overall efficacy of HPV-16/18 AS04-adjuvanted vaccine against grade 3 or greater cervical*

- intraepithelial neoplasia: 4-year end-of-study analysis of the randomised, double-blind PATRICIA trial.* *Lancet Oncol*, 2012. **13**(1): p. 89-99.
27. Naud, P.S., et al., *Sustained efficacy, immunogenicity, and safety of the HPV-16/18 AS04-adjuvanted vaccine: final analysis of a long-term follow-up study up to 9.4 years post-vaccination.* *Hum Vaccin Immunother*, 2014. **10**(8): p. 2147-62.
 28. GlaxoSmithKline Vaccine, H.P.V.S.G., et al., *Sustained efficacy and immunogenicity of the human papillomavirus (HPV)-16/18 AS04-adjuvanted vaccine: analysis of a randomised placebo-controlled trial up to 6.4 years.* *Lancet*, 2009. **374**(9706): p. 1975-85.
 29. Dobson, S.R., et al., *Immunogenicity of 2 doses of HPV vaccine in younger adolescents vs 3 doses in young women: a randomized clinical trial.* *JAMA*, 2013. **309**(17): p. 1793-802.
 30. Van Damme, P., et al., *Immunogenicity and Safety of a 9-Valent HPV Vaccine.* *Pediatrics*, 2015. **136**(1): p. e28-39.
 31. Joura, E.A., et al., *A 9-valent HPV vaccine against infection and intraepithelial neoplasia in women.* *N Engl J Med*, 2015. **372**(8): p. 711-23.
 32. Petrosky, E., et al., *Use of 9-valent human papillomavirus (HPV) vaccine: updated HPV vaccination recommendations of the advisory committee on immunization practices.* *MMWR Morb Mortal Wkly Rep*, 2015. **64**(11): p. 300-4.
 33. Yang, D.Y. and K. Bracken, *Update on the new 9-valent vaccine for human papillomavirus prevention.* *Can Fam Physician*, 2016. **62**(5): p. 399-402.
 34. Riethmuller, D., et al., *Potential impact of a nonavalent HPV vaccine on the occurrence of HPV-related diseases in France.* *BMC Public Health*, 2015. **15**: p. 453.
 35. Sankaranarayanan, R., *Screening for cancer in low- and middle-income countries.* *Ann Glob Health*, 2014. **80**(5): p. 412-7.
 36. Goldie, S.J., et al., *Health and economic outcomes of HPV 16,18 vaccination in 72 GAVI-eligible countries.* *Vaccine*, 2008. **26**(32): p. 4080-93.
 37. Pimple, S., G. Mishra, and S. Shastri, *Global strategies for cervical cancer prevention.* *Curr Opin Obstet Gynecol*, 2016. **28**(1): p. 4-10.
 38. Bharati, K. and N.K. Ganguly, *Does India need an indigenous HPV vaccine and why?* *J Public Health Policy*, 2013. **34**(2): p. 272-87.
 39. Spencer, A.M., et al., *Sociodemographic factors predicting mother's cervical screening and daughter's HPV vaccination uptake.* *J Epidemiol Community Health*, 2014. **68**(6): p. 571-7.

40. LaMontagne, D.S., et al., *Human papillomavirus vaccine delivery strategies that achieved high coverage in low- and middle-income countries*. Bull World Health Organ, 2011. **89**(11): p. 821-830B.
41. Lowy, D.R., et al., *Primary endpoints for future prophylactic human papillomavirus vaccine trials: towards infection and immunobridging*. Lancet Oncol, 2015. **16**(5): p. e226-33.
42. Noronha, A.S., L.E. Markowitz, and E.F. Dunne, *Systematic review of human papillomavirus vaccine coadministration*. Vaccine, 2014. **32**(23): p. 2670-4.
43. Basu, P., et al., *Prevalence of high-risk human papillomavirus and cervical intraepithelial neoplasias in a previously unscreened population--a pooled analysis from three studies*. Int J Cancer, 2013. **132**(7): p. 1693-9.
44. in *Comprehensive Cervical Cancer Control: A Guide to Essential Practice*, nd, Editor. 2014: Geneva.
45. Basu, P., et al., *Secondary prevention of cervical cancer*. Best Pract Res Clin Obstet Gynaecol, 2018. **47**: p. 73-85.
46. Flores, Y., et al., *Improving cervical cancer screening in Mexico: results from the Morelos HPV Study*. Salud Publica Mex, 2003. **45 Suppl 3**: p. S388-98.
47. Porto, M.A. and P.A. Habib, *Viva Mulher: constructing a cervical cancer control program in Brazil*. Dynamis, 2014. **34**(1): p. 101-23.
48. Cuzick, J., C.J. Meijer, and J.M. Walboomers, *Screening for cervical cancer*. Lancet, 1998. **351**(9113): p. 1439-40.
49. Dehner, L.P., *Cervicovaginal cytology, false-negative results, and standards of practice*. Am J Clin Pathol, 1993. **99**(1): p. 45-7.
50. Sankaranarayanan, R., et al., *Accuracy of human papillomavirus testing in primary screening of cervical neoplasia: results from a multicenter study in India*. Int J Cancer, 2004. **112**(2): p. 341-7.
51. Cuzick, J., et al., *Overview of the European and North American studies on HPV testing in primary cervical cancer screening*. Int J Cancer, 2006. **119**(5): p. 1095-101.
52. Arbyn, M., et al., *Liquid compared with conventional cervical cytology: a systematic review and meta-analysis*. Obstet Gynecol, 2008. **111**(1): p. 167-77.
53. Arbyn, M., et al., *Evidence regarding human papillomavirus testing in secondary prevention of cervical cancer*. Vaccine, 2012. **30 Suppl 5**: p. F88-99.
54. Basu, P., et al., *Management algorithms for cervical cancer screening and precancer treatment for resource-limited settings*. Int J Gynaecol Obstet, 2017. **138 Suppl 1**: p. 26-32.

55. Sauvaget, C., et al., *Accuracy of visual inspection with acetic acid for cervical cancer screening*. Int J Gynaecol Obstet, 2011. **113**(1): p. 14-24.
56. Pretorius, R.G., et al., *Inflation of sensitivity of cervical cancer screening tests secondary to correlated error in colposcopy*. J Low Genit Tract Dis, 2006. **10**(1): p. 5-9.
57. Parham, G.P., et al., *Population-level scale-up of cervical cancer prevention services in a low-resource setting: development, implementation, and evaluation of the cervical cancer prevention program in Zambia*. PLoS One, 2015. **10**(4): p. e0122169.
58. Basu, P., et al., *Diagnostic accuracy of VIA and HPV detection as primary and sequential screening tests in a cervical cancer screening demonstration project in India*. Int J Cancer, 2015. **137**(4): p. 859-67.
59. Arbyn, M., et al., *Pooled analysis of the accuracy of five cervical cancer screening tests assessed in eleven studies in Africa and India*. Int J Cancer, 2008. **123**(1): p. 153-60.
60. von Knebel Doeberitz, M., et al., *Biomarkers for cervical cancer screening: the role of p16(INK4a) to highlight transforming HPV infections*. Expert Rev Proteomics, 2012. **9**(2): p. 149-63.
61. de Freitas, A.C., E.C. Coimbra, and C. Leitao Mda, *Molecular targets of HPV oncoproteins: potential biomarkers for cervical carcinogenesis*. Biochim Biophys Acta, 2014. **1845**(2): p. 91-103.
62. Kontostathi, G., et al., *Proteomics approaches in cervical cancer: focus on the discovery of biomarkers for diagnosis and drug treatment monitoring*. Expert Rev Proteomics, 2016. **13**(8): p. 731-45.
63. Koh, W.J., et al., *Cervical Cancer, Version 2.2015*. J Natl Compr Canc Netw, 2015. **13**(4): p. 395-404; quiz 404.
64. Landoni, F., et al., *Randomised study of radical surgery versus radiotherapy for stage Ib-IIa cervical cancer*. Lancet, 1997. **350**(9077): p. 535-40.
65. Eifel, P.J., et al., *Pelvic irradiation with concurrent chemotherapy versus pelvic and para-aortic irradiation for high-risk cervical cancer: an update of radiation therapy oncology group trial (RTOG) 90-01*. J Clin Oncol, 2004. **22**(5): p. 872-80.
66. Gaffney, D.K., et al., *Practice patterns of radiotherapy in cervical cancer among member groups of the Gynecologic Cancer Intergroup (GCIG)*. Int J Radiat Oncol Biol Phys, 2007. **68**(2): p. 485-90.

67. Chemoradiotherapy for Cervical Cancer Meta-Analysis, C., *Reducing uncertainties about the effects of chemoradiotherapy for cervical cancer: a systematic review and meta-analysis of individual patient data from 18 randomized trials*. J Clin Oncol, 2008. **26**(35): p. 5802-12.
68. Viswanathan, A.N., et al., *American Brachytherapy Society consensus guidelines for locally advanced carcinoma of the cervix. Part II: high-dose-rate brachytherapy*. Brachytherapy, 2012. **11**(1): p. 47-52.
69. Haie-Meder, C., et al., *Cervical cancer: ESMO Clinical Practice Guidelines for diagnosis, treatment and follow-up*. Ann Oncol, 2010. **21 Suppl 5**: p. v37-40.
70. Han, K., et al., *Trends in the utilization of brachytherapy in cervical cancer in the United States*. Int J Radiat Oncol Biol Phys, 2013. **87**(1): p. 111-9.
71. Maranga, I.O., et al., *Analysis of factors contributing to the low survival of cervical cancer patients undergoing radiotherapy in Kenya*. PLoS One, 2013. **8**(10): p. e78411.
72. Gill, B.S., et al., *National Cancer Data Base analysis of radiation therapy consolidation modality for cervical cancer: the impact of new technological advancements*. Int J Radiat Oncol Biol Phys, 2014. **90**(5): p. 1083-90.
73. Bizzarri, N., et al., *Bevacizumab for the treatment of cervical cancer*. Expert Opin Biol Ther, 2016. **16**(3): p. 407-19.
74. Barra, F., et al., *Investigational drugs for the treatment of cervical cancer*. Expert Opin Investig Drugs, 2017. **26**(4): p. 389-402.
75. Cho, W.C., *Contribution of oncoproteomics to cancer biomarker discovery*. Mol Cancer, 2007. **6**: p. 25.
76. Pardanani, A., et al., *Primer on medical genomics. Part IV: Expression proteomics*. Mayo Clin Proc, 2002. **77**(11): p. 1185-96.
77. Zhang, D.Y., et al., *Proteomics, pathway array and signaling network-based medicine in cancer*. Cell Div, 2009. **4**: p. 20.
78. Posadas, E.M., et al., *Proteomic analysis for the early detection and rational treatment of cancer--realistic hope?* Ann Oncol, 2005. **16**(1): p. 16-22.
79. Yarbrough, W.G., R.J. Slebos, and D. Liebler, *Proteomics: clinical applications for head and neck squamous cell carcinoma*. Head Neck, 2006. **28**(6): p. 549-58.
80. Veenstra, T.D., D.A. Prieto, and T.P. Conrads, *Proteomic patterns for early cancer detection*. Drug Discov Today, 2004. **9**(20): p. 889-97.

81. Di Domenico, F., F. De Marco, and M. Perluigi, *Proteomics strategies to analyze HPV-transformed cells: relevance to cervical cancer*. *Expert Rev Proteomics*, 2013. **10**(5): p. 461-72.
82. Breuer, E.K. and M.M. Murph, *The Role of Proteomics in the Diagnosis and Treatment of Women's Cancers: Current Trends in Technology and Future Opportunities*. *Int J Proteomics*, 2011. **2011**.
83. Pappa, K.I., et al., *Proteomic Analysis of Normal and Cancer Cervical Cell Lines Reveals Deregulation of Cytoskeleton-associated Proteins*. *Cancer Genomics Proteomics*, 2017. **14**(4): p. 253-266.
84. Narisawa-Saito, M., et al., *HPV16 E6-mediated stabilization of ErbB2 in neoplastic transformation of human cervical keratinocytes*. *Oncogene*, 2007. **26**(21): p. 2988-96.
85. Mincheva, A., L. Gissmann, and H. zur Hausen, *Chromosomal integration sites of human papillomavirus DNA in three cervical cancer cell lines mapped by in situ hybridization*. *Med Microbiol Immunol*, 1987. **176**(5): p. 245-56.
86. Lucey, B.P., W.A. Nelson-Rees, and G.M. Hutchins, *Henrietta Lacks, HeLa cells, and cell culture contamination*. *Arch Pathol Lab Med*, 2009. **133**(9): p. 1463-7.
87. Yugawa, T., et al., *Regulation of Notch1 gene expression by p53 in epithelial cells*. *Mol Cell Biol*, 2007. **27**(10): p. 3732-42.
88. Makridakis, M. and A. Vlahou, *GeLC-MS: A Sample Preparation Method for Proteomics Analysis of Minimal Amount of Tissue*. *Methods Mol Biol*, 2018. **1788**: p. 165-175.
89. Filip, S., et al., *Comparison of Depletion Strategies for the Enrichment of Low-Abundance Proteins in Urine*. *PLoS One*, 2015. **10**(7): p. e0133773.
90. Bindea, G., et al., *ClueGO: a Cytoscape plug-in to decipher functionally grouped gene ontology and pathway annotation networks*. *Bioinformatics*, 2009. **25**(8): p. 1091-3.
91. Shannon, P., et al., *Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks*. *Genome Res*, 2003. **13**(11): p. 2498-504.
92. Ohashi, T., et al., *p53 mediates the suppression of cancer cell invasion by inducing LIMA1/EPLIN*. *Cancer Lett*, 2017. **390**: p. 58-66.
93. Liu, R., et al., *Epithelial protein lost in neoplasm-alpha (EPLIN-alpha) is a potential prognostic marker for the progression of epithelial ovarian cancer*. *Int J Oncol*, 2016. **48**(6): p. 2488-96.
94. Jiang, W.G., et al., *Eplin-alpha expression in human breast cancer, the impact on cellular migration and clinical outcome*. *Mol Cancer*, 2008. **7**: p. 71.

95. Collins, R.J., et al., *EPLIN: a fundamental actin regulator in cancer metastasis?* *Cancer Metastasis Rev*, 2015. **34**(4): p. 753-64.
96. Yu, L., et al., *Karyopherin alpha 2 expression is a novel diagnostic and prognostic factor for colorectal cancer.* *Oncol Lett*, 2017. **13**(3): p. 1194-1200.
97. Tsukagoshi, M., et al., *Overexpression of karyopherin-alpha2 in cholangiocarcinoma correlates with poor prognosis and gemcitabine sensitivity via nuclear translocation of DNA repair proteins.* *Oncotarget*, 2017. **8**(26): p. 42159-42172.
98. Li, C., et al., *Overexpression of KPNA2 correlates with poor prognosis in patients with gastric adenocarcinoma.* *Tumour Biol*, 2013. **34**(2): p. 1021-6.
99. Grupp, K., et al., *High nuclear karyopherin alpha 2 expression is a strong and independent predictor of biochemical recurrence in prostate cancer patients treated by radical prostatectomy.* *Mod Pathol*, 2014. **27**(1): p. 96-106.
100. Gousias, K., et al., *Nuclear karyopherin a2: a novel biomarker for infiltrative astrocytomas.* *J Neurooncol*, 2012. **109**(3): p. 545-53.
101. Witte, I., et al., *Protectors or Traitors: The Roles of PON2 and PON3 in Atherosclerosis and Cancer.* *J Lipids*, 2012. **2012**: p. 342806.
102. Kruger, M., et al., *Paraoxonase-2 (PON2) protects oral squamous cell cancer cells against irradiation-induced apoptosis.* *J Cancer Res Clin Oncol*, 2015. **141**(10): p. 1757-66.
103. Bacchetti, T., et al., *Exploring the role of paraoxonase-2 in bladder cancer: analyses performed on tissue samples, urines and cell cultures.* *Oncotarget*, 2017. **8**(17): p. 28785-28795.
104. Chen, J.S., et al., *Identification of novel markers for monitoring minimal residual disease in acute lymphoblastic leukemia.* *Blood*, 2001. **97**(7): p. 2115-20.
105. Okamoto, M., et al., *Frequent increased gene copy number and high protein expression of tRNA (cytosine-5-)-methyltransferase (NSUN2) in human cancers.* *DNA Cell Biol*, 2012. **31**(5): p. 660-71.
106. Frye, M. and F.M. Watt, *The RNA methyltransferase Misu (NSun2) mediates Myc-induced proliferation and is upregulated in tumors.* *Curr Biol*, 2006. **16**(10): p. 971-81.
107. Frye, M., et al., *Genomic gain of 5p15 leads to over-expression of Misu (NSUN2) in breast cancer.* *Cancer Lett*, 2010. **289**(1): p. 71-80.
108. Oue, N., et al., *Gene expression profile of gastric carcinoma: identification of genes and tags potentially involved in invasion, metastasis, and carcinogenesis by serial analysis of gene expression.* *Cancer Res*, 2004. **64**(7): p. 2397-405.

109. Mills, K.I., et al., *High FUS/TLS expression in acute myeloid leukaemia samples*. Br J Haematol, 2000. **108**(2): p. 316-21.
110. Yasui, W., et al., *Search for new biomarkers of gastric cancer through serial analysis of gene expression and its clinical implications*. Cancer Sci, 2004. **95**(5): p. 385-92.
111. Tomlinson, V.A., et al., *Translation elongation factor eEF1A2 is a potential oncoprotein that is overexpressed in two-thirds of breast tumours*. BMC Cancer, 2005. **5**: p. 113.
112. Pinke, D.E., et al., *The prognostic significance of elongation factor eEF1A2 in ovarian cancer*. Gynecol Oncol, 2008. **108**(3): p. 561-8.
113. Jeganathan, S. and J.M. Lee, *Binding of elongation factor eEF1A2 to phosphatidylinositol 4-kinase beta stimulates lipid kinase activity and phosphatidylinositol 4-phosphate generation*. J Biol Chem, 2007. **282**(1): p. 372-80.
114. Chang, K.C., et al., *Ran GTPase-activating protein 1 is a therapeutic target in diffuse large B-cell lymphoma*. PLoS One, 2013. **8**(11): p. e79863.
115. Pathria, G., C. Wagner, and S.N. Wagner, *Inhibition of CRM1-mediated nucleocytoplasmic transport: triggering human melanoma cell apoptosis by perturbing multiple cellular pathways*. J Invest Dermatol, 2012. **132**(12): p. 2780-90.
116. Zheng, P., et al., *PSMB4 promotes multiple myeloma cell growth by activating NF-kappaB-miR-21 signaling*. Biochem Biophys Res Commun, 2015. **458**(2): p. 328-33.
117. Mairinger, F.D., et al., *Gene Expression Analysis of the 26S Proteasome Subunit PSMB4 Reveals Significant Upregulation, Different Expression and Association with Proliferation in Human Pulmonary Neuroendocrine Tumours*. J Cancer, 2014. **5**(8): p. 646-54.
118. Liu, R., et al., *PSMB4 expression associates with epithelial ovarian cancer growth and poor prognosis*. Arch Gynecol Obstet, 2016. **293**(6): p. 1297-307.
119. Shao, J., et al., *AHSA1 regulates proliferation, apoptosis, migration, and invasion of osteosarcoma*. Biomed Pharmacother, 2016. **77**: p. 45-51.
120. Lessa, R.C., et al., *Identification of upregulated genes in oral squamous cell carcinomas*. Head Neck, 2013. **35**(10): p. 1475-81.
121. Weber, G., et al., *Regulation of GTP biosynthesis*. Adv Enzyme Regul, 1992. **32**: p. 57-69.
122. Holzer, K., et al., *Proteomic Analysis Reveals GMP Synthetase as p53 Repression Target in Liver Cancer*. Am J Pathol, 2017. **187**(2): p. 228-235.

123. Rouette, A., et al., *Expression of immunoproteasome genes is regulated by cell-intrinsic and -extrinsic factors in human cancers*. *Sci Rep*, 2016. **6**: p. 34019.
124. Munkacsy, G., et al., *PSMB7 is associated with anthracycline resistance and is a prognostic biomarker in breast cancer*. *Br J Cancer*, 2010. **102**(2): p. 361-8.
125. Tan, N., et al., *Upregulation of caprin1 expression is associated with poor prognosis in hepatocellular carcinoma*. *Pathol Res Pract*, 2017. **213**(12): p. 1563-1567.
126. Sabile, A.A., et al., *Caprin-1, a novel Cyr61-interacting protein, promotes osteosarcoma tumor growth and lung metastasis in mice*. *Biochim Biophys Acta*, 2013. **1832**(8): p. 1173-82.
127. Gong, B., et al., *Caprin-1 is a novel microRNA-223 target for regulating the proliferation and invasion of human breast cancer cells*. *Biomed Pharmacother*, 2013. **67**(7): p. 629-36.
128. Hudson, M.E., et al., *Identification of differentially expressed proteins in ovarian cancer using high-density protein microarrays*. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2007. **104**(44): p. 17494-9.
129. Ding, Q., et al., *SSRP1 Contributes to the Malignancy of Hepatocellular Carcinoma and Is Negatively Regulated by miR-497*. *Mol Ther*, 2016. **24**(5): p. 903-14.
130. Shimokawa, T., et al., *Identification of TOMM34, which shows elevated expression in the majority of human colon cancers, as a novel drug target*. *Int J Oncol*, 2006. **29**(2): p. 381-6.
131. Aleskandarany, M.A., et al., *TOMM34 expression in early invasive breast cancer: a biomarker associated with poor outcome*. *Breast Cancer Res Treat*, 2012. **136**(2): p. 419-27.
132. Cheng, D.D., et al., *Minichromosome maintenance protein 2 and 3 promote osteosarcoma progression via DHX9 and predict poor patient prognosis*. *Oncotarget*, 2017. **8**(16): p. 26380-26393.
133. Cao, S., et al., *RNA helicase DHX9 may be a therapeutic target in lung cancer and inhibited by enoxacin*. *Am J Transl Res*, 2017. **9**(2): p. 674-682.
134. Tomasi, M.L., et al., *Polyamine and methionine adenosyltransferase 2A crosstalk in human colon and liver cancer*. *Exp Cell Res*, 2013. **319**(12): p. 1902-11.
135. Martinez-Chantar, M.L., et al., *Methionine adenosyltransferase II beta subunit gene expression provides a proliferative advantage in human hepatoma*. *Gastroenterology*, 2003. **124**(4): p. 940-8.
136. Zhang, H., et al., *PABPC1 interacts with AGO2 and is responsible for the microRNA mediated gene silencing in high grade hepatocellular carcinoma*. *Cancer Lett*, 2015. **367**(1): p. 49-57.

137. Chen, R., C. Feng, and Y. Xu, *Cyclin-dependent kinase-associated protein Cks2 is associated with bladder cancer progression*. J Int Med Res, 2011. **39**(2): p. 533-40.
138. Tong, L., et al., *KH-type splicing regulatory protein (KHSRP) contributes to tumorigenesis by promoting miR-26a maturation in small cell lung cancer*. Mol Cell Biochem, 2016. **422**(1-2): p. 61-74.
139. Pruksakorn, D., et al., *Overexpression of KH-type splicing regulatory protein regulates proliferation, migration, and implantation ability of osteosarcoma*. Int J Oncol, 2016. **49**(3): p. 903-12.
140. Noma, N., et al., *Involvement of NF-kappaB-mediated expression of galectin-3-binding protein in TNF-alpha-induced breast cancer cell adhesion*. Oncol Rep, 2012. **27**(6): p. 2080-4.
141. Min, L., et al., *Overexpression of Ras-GTPase-activating protein SH3 domain-binding protein 1 correlates with poor prognosis in gastric cancer patients*. Histopathology, 2015. **67**(5): p. 677-88.
142. Saraon, P., et al., *Evaluation and prognostic significance of ACAT1 as a marker of prostate cancer progression*. Prostate, 2014. **74**(4): p. 372-80.
143. Saraon, P., et al., *Quantitative proteomics reveals that enzymes of the ketogenic pathway are associated with prostate cancer progression*. Mol Cell Proteomics, 2013. **12**(6): p. 1589-601.
144. de Gonzalo-Calvo, D., et al., *Intratumor cholesteryl ester accumulation is associated with human breast cancer proliferation and aggressive potential: a molecular and clinicopathological study*. BMC Cancer, 2015. **15**: p. 460.
145. Hanahan, D. and R.A. Weinberg, *Hallmarks of cancer: the next generation*. Cell, 2011. **144**(5): p. 646-74.
146. Kruger, M., et al., *The anti-apoptotic PON2 protein is Wnt/beta-catenin-regulated and correlates with radiotherapy resistance in OSCC patients*. Oncotarget, 2016. **7**(32): p. 51082-51095.
147. Devarajan, A., et al., *Paraoxonase 2 overexpression inhibits tumor development in a mouse model of ovarian cancer*. Cell Death Dis, 2018. **9**(3): p. 392.

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ

Πίνακας 1. Διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές HeLa και HCK1T όπως προκύπτουν από την πρωτεωμική μελέτη με τη μέθοδο GeLC-MS/MS

UniprotID	UniprotAccession	Symbol	Name	#PEPTIDES	Ratio	p-value Mann-Whitney	Mean Control	Mean Case	HCK1T_1	HCK1T_2	HCK1T_3	HCK1T_4	HeLa_1	HeLa_2	HeLa_3	HeLa_4
P48668	K2C4C_HUMAN	KRT4C	Keratin, type II cytoskeletal 4C	17	0.002	2.86E-02	26982.87	52.31873	23731.15	26375.89	26780.87	31043.55	87.42063	64.94074	30.27516	26.63841
P08779	K1C16_HUMAN	KRT16	Keratin, type I cytoskeletal 16	7	0.002	2.86E-02	548.4414	1.102444	345.0679	275.0313	340.8509	1232.816	4.409775	0	0	0
P11216	PYGB_HUMAN	PYGB	Glycogen phosphorylase, brain form	7	0.008	2.86E-02	470.3229	3.563881	291.1474	436.6469	557.3376	596.1597	14.25552	0	0	0
P13647	K2C5_HUMAN	KRT5	Keratin, type II cytoskeletal 5	21	0.013	2.86E-02	15563.95	205.576	10351.8	20247.99	18786.36	12869.65	263.752	258.3089	182.1545	118.0885
P05109	S10A8_HUMAN	S100A8	Protein S100-A8	2	0.016	2.86E-02	365.9322	5.818167	251.3468	345.7704	246.0269	620.5846	0	0	0	23.27267
Q13751	LAMB3_HUMAN	LAMB3	Laminin subunit beta-3	7	0.016	2.86E-02	510.9547	8.196093	371.17	564.9401	500.9427	606.766	22.29226	7.858713	0	2.633397
Q6NZI2	PTRF_HUMAN	PTRF	Polymerase I and transcript release factor	4	0.020	2.86E-02	426.1961	8.460192	354.1867	602.6433	590.2687	157.6857	16.47084	17.36993	0	0
P08727	K1C19_HUMAN	KRT19	Keratin, type I cytoskeletal 19	19	0.021	2.86E-02	25069.55	517.0187	19197	33909.02	31915.09	15257.07	604.1263	595.3945	315.9974	552.5567
Q60716	CTND1_HUMAN	CTNND1	Catenin delta-1	9	0.021	2.86E-02	358.744	7.697982	339.2128	477.8517	430.4002	187.5911	30.79193	0	0	0
O95571	ETHE1_HUMAN	ETHE1	Persulfide dioxygenase ETHE1, mitochondrial	5	0.027	2.86E-02	539.1278	14.54641	536.9682	605.8202	541.4905	472.2325	40.68039	0	0	17.50524
P10301	RRAS_HUMAN	RRAS	Ras-related protein R-Ras	2	0.029	2.86E-02	122.4304	3.582974	143.3455	107.4164	102.9843	135.9755	0	0	14.3319	0
O95678	K2C75_HUMAN	KRT75	Keratin, type II cytoskeletal 75	11	0.029	2.86E-02	18865.35	554.085	15329.71	20741.94	22198.08	17191.66	504.427	712.5993	502.1819	497.1319
Q7Z4W1	DCXR_HUMAN	DCXR	L-xylulose reductase	2	0.031	2.86E-02	88.06335	2.716461	62.71516	120.6326	113.1012	55.80445	4.824029	3.791321	2.250495	0
P07384	CAN1_HUMAN	CAPN1	Calpain-1 catalytic subunit	6	0.034	2.86E-02	311.4234	10.441	214.2201	250.9695	435.125	345.379	0	0	8.529415	33.23459
Q16822	PCKGM_HUMAN	PCK2	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP], mitochondrial	7	0.035	2.86E-02	555.1546	19.67069	245.7937	839.3452	869.6805	265.7991	35.5941	0	43.08865	0
P15104	GLNA_HUMAN	GLUL	Glutamine synthetase	3	0.037	2.86E-02	136.1062	5.024203	119.6774	227.3212	164.7624	32.66389	20.09681	0	0	0
P31949	S10A8_HUMAN	S100A11	Protein S100-A11	3	0.038	2.86E-02	398.808	15.17212	535.7609	120.39	445.0728	494.0084	16.14301	19.30538	15.72635	9.513718

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P60903	S100A_HUMAN	S100A10	Protein S100-A10	2	0.046	2.86E-02	2726.265	125.4781	2858.158	2945.807	2817.104	2283.991	44.3461	51.39258	406.1737	0
P52895	AK1C2_HUMAN	AKR1C2	Aldo-keto reductase family 1 member C2	3	0.047	2.86E-02	248.5479	11.67286	130.1056	310.9161	320.2976	232.8725	20.93128	25.76015	0	0
O14983	AT2A1_HUMAN	ATP2A1	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 1	1	0.048	2.86E-02	73.05122	3.497565	60.08987	85.94006	79.79635	66.37862	0	13.99026	0	0
Q96A83	ISOC2_HUMAN	ISOC2	Isochorismatase domain-containing protein 2, mitochondrial	3	0.055	2.86E-02	30.51787	1.667018	27.38467	43.14563	36.41331	15.12784	1.091764	0	0	5.576307
Q8TEA8	DTD1_HUMAN	DTD1	D-tyrosyl-HRNA(Tyr) deacylase 1	1	0.055	2.86E-02	57.42735	3.181415	67.01771	51.36302	47.86179	63.46689	12.72566	0	0	0
P48147	PPCE_HUMAN	PREP	Prolyl endopeptidase	5	0.058	2.86E-02	159.7072	9.32348	166.2033	106.9543	182.1815	183.4899	0	0	37.29392	0
P19367	HXK1_HUMAN	HK1	Hexokinase-1	2	0.060	2.86E-02	57.26505	3.407569	35.68444	47.14631	67.56174	78.66771	7.537049	6.093229	0	0
P18031	PTN1_HUMAN	PTPN1	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 1	4	0.067	2.86E-02	174.1836	11.6383	148.0937	135.9514	181.5171	231.1722	24.59699	0	12.63531	9.320907
Q9IUK22	FBX2_HUMAN	FBXO2	F-box only protein 2	3	0.067	2.86E-02	207.4495	13.92403	129.352	283.6865	310.4921	106.2671	0	0	24.27126	31.42487
P06702	S100A9_HUMAN	S100A9	Protein S100-A9	2	0.067	2.86E-02	121.3162	8.152199	57.17289	117.0744	109.0793	201.9381	0	0	0	32.6088
P30484	1B46_HUMAN	HLA-B	HLA class I histocompatibility antigen, B-46 alpha chain	1	0.069	2.86E-02	177.8095	12.26796	175.5052	208.7561	203.9398	123.0369	16.23242	0	32.83941	0
P42224	STAT1_HUMAN	STAT1	Signal transducer and activator of transcription 1-alpha/beta	9	0.069	2.86E-02	604.7626	41.73079	634.1605	601.9848	560.0218	622.8834	63.82699	66.26706	36.8291	0
Q96FQ6	S100A_HUMAN	S100A16	Protein S100-A16	2	0.071	2.86E-02	194.7362	13.83918	275.736	120.8521	161.5324	220.8242	13.00382	14.09833	18.36032	9.894267
P31947	I43S3_HUMAN	SFN	I4-3-3 protein sigma	7	0.075	2.86E-02	1275.995	95.57254	1517.851	946.4229	882.7878	1756.917	48.56832	63.094	181.7672	88.86066
Q9IUN22	NSFLC_HUMAN	NSFL1C	NSFL1 cofactor p47	4	0.078	2.86E-02	151.8752	11.8064	163.975	175.034	140.0618	128.4298	11.32494	16.8394	0	19.06126
Q14764	MVP_HUMAN	MVP	Major vault protein	16	0.079	2.86E-02	976.2421	77.54787	630.3441	1070.802	1184.969	1018.853	68.89938	61.50212	76.33711	103.4529
P02533	K1C14_HUMAN	KRT14	Keratin, type I cytoskeletal 14	13	0.081	2.86E-02	12302.91	993.1718	8527.081	15467.95	14276.84	10939.77	825.3636	1123.357	1014.146	1009.821
Q9NP72	RAB18_HUMAN	RAB18	Ras-related protein Rab-18	2	0.082	2.86E-02	75.74047	6.191767	98.86956	53.77752	64.71441	85.6004	0	0	24.76707	0
Q96CM8	ACSF2_HUMAN	ACSF2	Acyl-CoA synthetase family member 2, mitochondrial	1	0.083	2.86E-02	10.89971	0.902909	6.156457	14.45235	19.07709	3.912952	0	0	3.611638	0
Q9NR12	PDLU7_HUMAN	PDLIM7	PDZ and LIM domain protein 7	3	0.084	2.86E-02	120.6294	10.16249	135.3886	54.49378	140.0796	152.5555	0	23.77558	0	16.87438
O00151	PDLU1_HUMAN	PDLIM1	PDZ and LIM domain protein 1	13	0.086	2.86E-02	2013.129	173.0244	1769.499	2632.938	2396.853	1253.225	64.66146	126.5607	234.6385	266.237
P12429	ANXA3_HUMAN	ANXA3	Annexin A3	15	0.087	2.86E-02	2258.792	196.847	2386.741	2245.883	1947.171	2455.374	184.0204	236.6161	141.7541	224.9973
Q9Y2T3	GUAD_HUMAN	GDA	Guanine deaminase	4	0.089	2.86E-02	163.853	14.64952	85.13542	194.4309	195.647	180.1987	0	0	58.59809	0
Q92882	OSTF1_HUMAN	OSTF1	Osteoclast-stimulating factor 1	2	0.092	2.86E-02	76.20314	6.976618	110.343	101.5284	64.14494	28.79618	10.19245	0	8.761824	8.952197
Q86Y46	K2C73_HUMAN	KRT73	Keratin, type II cytoskeletal 73	5	0.092	2.86E-02	1518.454	139.1995	1375.852	1550.133	1430.168	1717.664	154.4862	193.0538	93.80807	115.45
Q9H299	SH3L3_HUMAN	SH3BGL3	SH3 domain-binding glutamic acid-rich-like protein 3	2	0.100	2.86E-02	156.7242	15.67161	182.9273	108.3233	120.6599	214.9862	21.5174	19.02046	22.14859	0
Q6NUK1	SCMC1_HUMAN	SLC25A24	Calcium-binding mitochondrial carrier protein.SCMC-1	3	0.103	2.86E-02	171.4776	17.60219	120.9147	253.0905	232.4077	79.49745	33.86556	0	3.596144	32.94706
P07858	CATB_HUMAN	CTSB	Cathepsin B	2	0.104	2.86E-02	305.4376	31.68014	283.2716	362.4062	316.4982	259.5743	28.3819	23.93277	20.72315	53.68274
O75369	FLNB_HUMAN	FLNB	Filamin-B	49	0.106	2.86E-02	5458.088	576.1677	6277.549	4298.105	3965.855	7290.84	798.5795	726.4618	324.8383	454.7912
Q9UGI8	TES_HUMAN	TES	Testin	1	0.119	2.86E-02	48.23865	5.754771	40.14094	56.37686	56.31479	40.12199	0	23.01908	0	0
P05161	ISG15_HUMAN	ISG15	Ubiquitin-like protein ISG15	4	0.125	2.86E-02	301.9378	37.59587	233.1157	300.7844	362.0555	311.7956	16.46091	46.03817	21.7535	66.13091
P07339	CATD_HUMAN	CTSD	Cathepsin D	9	0.129	2.86E-02	1450.086	187.1969	755.6042	2474.817	2192.397	377.5247	213.8428	192.9359	136.7495	205.2595
O60641	AP180_HUMAN	SNAP91	Clathrin coat assembly protein AP180	1	0.130	2.86E-02	21.89445	2.856508	14.43097	26.0743	34.14123	12.93128	0	11.42603	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9H488	OFUT1_HUMAN	POFUT1	GDP-fucose protein O-fucosyltransferase 1	1	0.133	2.86E-02	27.4927	3.666375	28.62696	31.74664	30.52869	19.06853	0	0	0	14.6655
P43490	NAMPT_HUMAN	NAMPT	Nicotinamide phosphoribosyltransferase	8	0.133	2.86E-02	611.2961	81.55118	518.4048	606.8253	616.6955	703.2587	124.9122	93.55003	49.6116	58.13093
P04179	SODM_HUMAN	SOD2	Superoxide dismutase [Mn], mitochondrial	5	0.139	2.86E-02	515.572	71.46304	261.3804	620.0127	585.2426	595.6525	103.2457	27.53841	55.12745	99.94055
P17096	HMGA1_HUMAN	HMGA1	High mobility group protein HMG-I/HMG-Y	1	0.139	2.86E-02	45.96464	6.375757	57.71577	38.23923	49.5257	38.37788	0	0	25.50303	0
Q99584	S10AD_HUMAN	S10A13	Protein S100-A13	1	0.139	2.86E-02	51.08461	7.095475	77.11372	33.20228	36.56146	57.461	28.3819	0	0	0
P20340	RAB6A_HUMAN	RAB6A	Ras-related protein Rab-6A	1	0.145	2.86E-02	28.2683	4.099323	25.83962	29.79425	24.91411	32.52523	0	16.39729	0	0
P02751	FNC_HUMAN	FNI	Fibronectin	9	0.149	2.86E-02	511.8894	76.02118	845.1394	321.3943	360.3649	520.6591	304.0847	0	0	0
O14957	QCR10_HUMAN	UQCR11	Cytochrome b-c1 complex subunit 10	1	0.152	2.86E-02	15.99857	2.426419	13.36141	18.59974	17.87588	14.15727	9.705677	0	0	0
P16930	FAAA_HUMAN	FAH	Fumarylacetoacetase	2	0.153	2.86E-02	66.00351	10.09866	59.36873	67.39808	64.40298	72.84426	16.14288	13.99026	10.2415	0
Q96HE7	ERO1A_HUMAN	ERO1L	ERO1-like protein alpha	9	0.157	2.86E-02	931.8219	146.4462	1070.849	943.5731	959.487	753.3784	194.9977	136.5524	131.4274	122.8073
P08729	K2C7_HUMAN	KRT7	Keratin, type II cytoskeletal 7	17	0.160	2.86E-02	16158.44	2579.018	13748.86	20894.9	21191.08	8798.904	2165.031	2884.243	2712.622	2554.175
Q92665	RT31_HUMAN	MRPS31	28S ribosomal protein S31, mitochondrial	1	0.160	2.86E-02	9.135892	1.458347	8.47546	12.88119	8.094417	7.0925	0	0	0	5.833389
P12814	ACTN1_HUMAN	ACTN1	Alpha-actinin-1	21	0.163	2.86E-02	3454.943	564.8122	4155.009	2841.856	3210.068	3612.84	526.9278	601.9446	429.0505	701.3259
P10515	ODP2_HUMAN	DLAT	Dihydropyridyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial	2	0.164	2.86E-02	95.52682	15.68132	73.54041	123.3128	121.7944	63.45959	45.17064	0	17.55464	0
Q04695	K1C17_HUMAN	KRT17	Keratin, type I cytoskeletal 17	26	0.172	2.86E-02	16639.25	2854.766	12308.93	18757.61	17884.77	17605.7	2060.027	2994.436	3043.289	3321.311
Q9H4A4	AMPB_HUMAN	RNPEP	Aminopeptidase B	4	0.173	2.86E-02	73.42116	12.70303	44.28144	76.33982	99.84331	73.22008	12.27862	11.11164	14.23119	13.19066
Q9NQG5	RPR1B_HUMAN	RPRD1B	Regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 1B	2	0.179	2.86E-02	44.28223	7.940461	48.92431	32.38204	57.16009	38.66248	0	13.58745	18.17439	0
Q81VF2	AHNAK_HUMAN	AHNAK2	Protein AHNAK2	1	0.181	2.86E-02	16.91289	3.065281	13.68552	15.1224	12.36808	26.47555	0	12.26113	0	0
P28838	AMPL_HUMAN	LAP3	Cytosol aminopeptidase	8	0.182	2.86E-02	448.2814	81.38966	367.2726	479.7694	568.5223	377.5612	108.1234	87.82227	77.01264	52.60029
P04083	ANXA1_HUMAN	ANXA1	Annexin A1	16	0.185	2.86E-02	7369.02	1363.563	8200.534	6519.568	6600.078	8155.901	1375.107	1433.903	1334.935	1310.305
Q96KP4	CNDP2_HUMAN	CNDP2	Cytosolic non-specific dipeptidase	7	0.186	2.86E-02	550.4891	102.526	527.966	604.1682	617.0959	452.7261	68.85368	103.4139	97.55761	140.2787
Q9Y2Q3	GSTK1_HUMAN	GSTK1	Glutathione S-transferase kappa 1	1	0.186	2.86E-02	52.81678	9.848531	33.28603	78.92761	73.17631	25.87715	0	16.96712	0	22.427
Q9UHB6	LIMA1_HUMAN	LIMA1	LIM domain and actin-binding protein 1	6	0.198	2.86E-02	551.2344	109.4058	791.9774	432.3112	361.4949	619.1543	63.55877	94.68968	145.1782	134.1967
P24844	MYL9_HUMAN	MYL9	Myosin regulatory light polypeptide 9	2	0.205	2.86E-02	87.46524	17.89572	65.69697	91.63551	96.26635	96.26213	22.04391	0	0	49.53899
P15924	DESP_HUMAN	DSP	Desmoplakin	21	0.209	2.86E-02	724.3168	151.2464	994.0515	404.8587	590.8177	907.5393	166.0495	211.4369	122.0819	105.4171
P19525	E2AK2_HUMAN	EIF2AK2	Interferon-induced, double-stranded RNA-activated protein kinase	5	0.210	2.86E-02	214.125	44.97433	151.9263	215.6646	208.887	280.022	53.86303	57.20876	35.66706	33.15848
P16190	1A33_HUMAN	HLA-A	HLA class I histocompatibility antigen, A-33 alpha chain	1	0.217	2.86E-02	87.00819	18.91648	81.99967	115.7574	104.0164	46.25924	34.93845	14.69763	26.02982	0
Q13185	CBX3_HUMAN	CBX3	Chromobox protein homolog 3	1	0.219	2.86E-02	37.63211	8.236891	55.86025	35.38572	28.58895	30.69354	0	0	4.364127	28.58344
Q15738	NSDHL_HUMAN	NSDHL	Sterol 4-alpha-carboxylate 3-dehydrogenase, decarboxylating	3	0.223	2.86E-02	123.5687	27.5824	114.7536	130.4524	132.1694	116.8996	34.53115	25.87805	26.208	23.71241
Q96CS3	FAF2_HUMAN	FAF2	FAS-associated factor 2	1	0.231	2.86E-02	75.19437	17.33621	54.28021	84.21872	88.79212	73.48644	24.88508	19.2759	0	25.18387
P40121	CAPG_HUMAN	CAPG	Macrophage-capping protein	4	0.231	2.86E-02	345.9263	84.57794	245.2535	461.7127	441.9586	314.7803	123.8591	67.82917	112.3233	34.30012
P31937	3HIDH_HUMAN	HIBADH	3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase, mitochondrial	2	0.233	2.86E-02	106.273	24.76608	89.15438	154.297	138.4246	43.21616	26.33546	21.69276	27.13764	23.89846
P25325	THM1_HUMAN	MPST	3-mercaptopyruvate sulfurtransferase	3	0.233	2.86E-02	94.07957	21.93176	48.54348	148.7748	117.0874	61.91251	29.23624	20.7496	19.94845	17.79277

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P35609	ACTN2_HUMAN	ACTN2	Alpha-actinin-2	3	0.234	2.86E-02	737.2983	172.6999	844.3778	725.494	706.2528	673.0687	164.1819	135.0885	186.2527	205.2764
O43399	TPD54_HUMAN	TPD52L2	Tumor protein D54	3	0.239	2.86E-02	194.6691	46.48692	182.8868	204.1928	186.3309	205.2658	48.93568	41.85288	69.36638	25.79275
Q9H4M9	EHD1_HUMAN	EHD1	EH domain-containing protein 1	4	0.241	2.86E-02	129.9944	31.28343	154.7055	68.50713	97.71671	199.0483	44.9193	60.6965	0	19.51792
O60443	DFNA5_HUMAN	DFNA5	Non-syndromic hearing impairment protein 5	1	0.247	2.86E-02	37.3837	9.24023	37.9737	33.36401	43.31497	34.91883	13.05349	12.71306	11.19437	0
P17655	CAN2_HUMAN	CAPN2	Calpain-2 catalytic subunit	9	0.252	2.86E-02	349.5154	88.10261	402.479	240.3757	366.7091	388.4978	84.77516	76.30782	100.0211	91.30632
P09525	ANXA4_HUMAN	ANXA4	Annexin A4	6	0.262	2.86E-02	285.7543	74.79858	253.1132	289.1509	348.7976	251.9556	53.89283	37.04864	135.1537	73.09918
P11233	RALA_HUMAN	RALA	Ras-related protein Ral-A	1	0.270	2.86E-02	70.198	18.93762	72.42223	60.36252	59.2689	88.73835	24.07048	25.7012	0	25.97879
O00154	BACH_HUMAN	ACO17	Cytosolic acyl coenzyme A thioester hydrolase	4	0.271	2.86E-02	270.3662	73.20438	227.3141	263.3192	308.7659	282.0653	101.5569	74.38219	37.67352	79.20487
Q15404	RSU1_HUMAN	RSU1	Ras suppressor protein 1	2	0.274	2.86E-02	84.96605	23.25733	107.183	89.34809	68.90532	74.42783	9.74442	32.81423	22.22606	28.24461
Q07960	RHG01_HUMAN	ARHGAP1	Rho GTPase-activating protein 1	3	0.279	2.86E-02	143.1761	39.87594	116.493	158.6755	160.349	137.1869	48.62772	45.07535	2.528095	63.27257
Q01813	PFKAP_HUMAN	PFKP	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, platelet type	6	0.279	2.86E-02	143.3351	40.03722	132.3825	87.09532	175.5466	178.3159	43.79972	69.85305	32.69997	13.79616
Q16698	DECR_HUMAN	DECR1	2,4-dienoyl-CoA reductase, mitochondrial	3	0.280	2.86E-02	143.1926	40.12104	80.77615	186.552	178.3406	127.1016	42.3692	41.65639	36.44175	40.01681
P10768	ESD_HUMAN	ESD	S-formylglutathione hydrolase	2	0.281	2.86E-02	175.8778	49.3811	173.3094	193.3334	184.8093	152.0593	74.11878	37.05847	59.67492	26.67224
Q99439	CNN2_HUMAN	CNN2	Calponin-2	1	0.281	2.86E-02	164.7187	46.32371	195.6	159.5419	175.7335	127.9992	41.31618	49.09362	46.14096	48.74406
Q6IAA8	LTOR1_HUMAN	LAMTOR1	Regulator complex protein LAMTOR1	4	0.284	2.86E-02	169.4855	48.15857	245.5614	101.513	84.41435	246.4532	51.51857	45.54694	48.0932	47.47557
Q9NSE4	SIY1_HUMAN	IARS2	Isoleucine-tRNA ligase, mitochondrial	1	0.287	2.86E-02	24.84258	7.132259	16.3108	25.90101	34.83527	22.32324	0	15.40397	0	12.89806
Q6KB66	K2C80_HUMAN	KRT80	Keratin, type II cytoskeletal 80	1	0.288	2.86E-02	117.6245	33.8542	104.9304	153.6501	153.3108	58.60672	0	44.07324	55.35211	35.99145
Q9BUF5	TBB6_HUMAN	TUBB4	Tubulin beta-6 chain	10	0.292	2.86E-02	658.5678	192.3974	864.5406	470.7445	368.098	930.8879	193.9943	161.7132	212.817	201.065
P35222	CTNB1_HUMAN	CTNNB1	Catenin beta-1	3	0.293	2.86E-02	51.69636	15.16251	50.399	56.43463	78.24811	21.70368	21.35149	19.12853	20.17001	0
P41240	CSK_HUMAN	CSK	Tyrosine-protein kinase CSK	1	0.294	2.86E-02	24.8645	7.307261	22.48509	26.49019	28.47327	22.00945	15.21914	14.00991	0	0
Q9P015	RM15_HUMAN	MRPL15	39S ribosomal protein L15, mitochondrial	2	0.301	2.86E-02	59.2467	17.81413	40.37592	62.4651	87.73327	46.41249	18.21925	20.84784	13.34803	18.84139
Q13564	ULA1_HUMAN	NAE1	NEDD8-activating enzyme E1 regulatory subunit	2	0.307	2.86E-02	54.64322	16.78465	70.29122	33.30625	60.55019	54.42521	18.15965	13.06674	17.0201	18.89213
Q5XKP0	MIC13_HUMAN	MIC13	MICOS complex subunit MIC13	1	0.317	2.86E-02	27.71449	8.776998	28.27854	34.35754	27.54789	20.67399	18.23912	16.86887	0	0
Q9UIJ7	KAD3_HUMAN	AK3	GTP:AMP phosphotransferase AK3, mitochondrial	3	0.325	2.86E-02	131.427	42.70977	136.4014	96.88041	175.1373	117.2888	14.93105	46.43115	61.69688	47.78001
Q03252	LMNB2_HUMAN	LMNB2	Lamin-B2	8	0.327	2.86E-02	286.2259	93.53618	271.8791	276.0387	336.7765	260.2091	131.1508	45.59606	85.82095	111.5769
P00367	DHE3_HUMAN	GLUD1	Glutamate dehydrogenase 1, mitochondrial	6	0.330	2.86E-02	600.6624	198.203	360.7823	809.1928	816.1952	416.4791	211.4685	162.0964	229.2096	190.0376
P35579	MYH9_HUMAN	MYH9	Myosin-9	40	0.332	2.86E-02	4304.36	1427.636	3656.691	2584.163	4120.543	6856.044	1455.126	1627.134	1596.411	1031.874
Q12765	SCRN1_HUMAN	SCRN1	Secernin-1	3	0.334	2.86E-02	86.98716	29.07891	53.56717	107.0814	107.1218	80.17831	51.65764	0	36.48049	28.17752
Q99460	PSMD1_HUMAN	PSMD1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 1	3	0.334	2.86E-02	66.48141	22.22541	67.20407	66.21971	66.58297	65.91887	23.46449	22.85207	42.5851	0
Q9Y371	SHLB1_HUMAN	SH3GLB1	Endophilin-B1	2	0.338	2.86E-02	48.29154	16.31129	46.64744	53.4113	51.59891	41.50853	14.12638	16.42676	19.88105	14.81096
O43707	ACTN4_HUMAN	ACTN4	Alpha-actinin-4	43	0.342	2.86E-02	10586.87	3620.98	11569.23	11141.79	10517.6	9118.873	3122.492	3862.752	3482.522	4016.154
P13473	LAMP2_HUMAN	LAMP2	Lysosome-associated membrane glycoprotein 2	2	0.343	2.86E-02	125.8555	43.21304	95.36918	168.0446	151.2554	88.75294	47.8926	39.5048	43.476	41.97875
Q96G03	PGM2_HUMAN	PGM2	Phosphoglucomutase-2	1	0.345	2.86E-02	10.18842	3.512241	9.496404	10.90915	13.85403	6.4941	3.336885	4.253078	2.817573	3.641428

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P09382	LEG1_HUMAN	LGALS1	Galectin-1	9	0.350	2.86E-02	4291.843	1504.241	5189.185	4153.592	3801.289	4023.306	1804.998	1256.883	1604.041	1351.041
Q9PHQ0	RAB6C_HUMAN	RAB6C	Ras-related protein Rab-6C	1	0.351	2.86E-02	47.59215	23.70245	56.44621	81.7118	74.44446	57.36613	28.51105	25.30822	13.5572	27.43333
P13489	RNH1_HUMAN	RNH1	Ribonuclease inhibitor	9	0.352	2.86E-02	944.5846	332.0682	1072.988	815.9084	895.8789	993.543	330.8871	236.5945	311.6064	449.1828
Q14019	COTL1_HUMAN	COTL1	Coactosin-like protein	4	0.352	2.86E-02	302.277	106.5515	305.6918	240.8147	262.3812	400.2202	124.4651	116.9031	96.36458	88.47335
Q3ZCQ8	TIM50_HUMAN	TIM50	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM50	3	0.356	2.86E-02	82.24394	29.24428	115.4908	72.04224	90.91872	50.32398	47.85286	0	22.52819	46.59608
Q9Y494	CLIC4_HUMAN	CLIC4	Chloride intracellular channel protein 4	2	0.362	2.86E-02	137.1571	49.45193	170.757	180.7757	118.698	78.3977	72.13195	63.74213	33.94723	28.7864
A6NMY6	AXA2L_HUMAN	ANXA2P2	Putative annexin A2-like protein	15	0.363	2.86E-02	17609.86	6394.581	19525.26	14904.36	16431.61	19578.21	6103.847	6713.898	6381.87	6378.707
P61158	ARP3_HUMAN	ACTR3	Actin-related protein 3	8	0.363	2.86E-02	770.5706	280.0146	853.5096	737.555	580.2853	910.9327	232.0322	202.9599	398.0859	286.9805
P08134	RHOC_HUMAN	RHOC	Rho-related GTP-binding protein RhoC	3	0.367	2.86E-02	310.602	114.0553	368.0586	316.7964	305.3492	252.2037	153.9596	122.0611	112.2769	67.92372
Q01518	CAP1_HUMAN	CAP1	Adenylyl cyclase-associated protein 1	7	0.367	2.86E-02	1327.115	487.3408	1210.702	1423.832	1393.482	1280.445	482.9841	486.1418	528.6766	451.5608
Q9NZM1	MYOF_HUMAN	MYOF	Myoferlin	3	0.375	2.86E-02	124.906	46.89402	118.3323	82.73998	141.8948	156.6568	61.4726	66.81724	21.63729	37.64895
Q60739	EIF1B_HUMAN	EIF1B	Eukaryotic translation initiation factor 1b	1	0.389	2.86E-02	32.89836	12.78486	31.38999	31.61957	29.50543	39.07844	0	0	23.14795	27.99147
P50993	AT1A2_HUMAN	ATP1A2	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-2	4	0.389	2.86E-02	170.1032	66.13617	224.6969	175.9929	168.3037	111.4192	56.88301	67.52461	89.43104	50.706
Q9GZ8	CTO27_HUMAN	C20orf27	UPF0687 protein C20orf27	1	0.393	2.86E-02	26.15173	10.27898	26.86867	26.55951	22.92988	28.24886	19.50076	0	0	21.61517
P04899	GNAI2_HUMAN	GNAI2	Guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha-2	4	0.397	2.86E-02	219.1938	87.00146	194.0659	234.946	279.1093	168.6539	75.66851	66.99408	105.0644	100.2788
P04632	CPNS1_HUMAN	CAPNS1	Calpain small subunit 1	3	0.397	2.86E-02	649.1797	257.8479	808.7339	688.4216	601.9428	497.6207	261.9539	260.4212	244.5099	264.5067
P30740	ILEU_HUMAN	SERPINB1	Leukocyte elastase inhibitor	4	0.397	2.86E-02	181.4738	72.11197	154.827	148.5785	159.6016	262.8881	132.2237	74.03833	39.26165	42.9242
P09960	LKHA4_HUMAN	LTA4H	Leukotriene A-4 hydrolase	6	0.397	2.86E-02	300.0529	119.2637	340.1609	237.4413	316.3914	306.2178	85.13577	74.11693	175.1048	142.6973
P26232	CTNA2_HUMAN	CTNNA2	Catenin alpha-2	1	0.401	2.86E-02	103.5863	41.51764	106.3079	113.8974	111.3127	82.82732	61.33352	0	48.26363	56.47343
Q60701	UGDH_HUMAN	UGDH	UDP-glucose 6-dehydrogenase	10	0.407	2.86E-02	419.7201	170.8629	462.3339	338.6501	423.7179	454.1783	155.3286	162.2585	196.5019	169.3628
Q16658	FSCN1_HUMAN	FSCN1	Fascin	10	0.409	2.86E-02	2970.738	1215.693	3123.442	2606.286	2499.553	3653.67	1175.629	1177.019	1208.024	1302.102
Q75874	IDHC_HUMAN	IDH1	Isocitrate dehydrogenase [NADP] cytoplasmic	6	0.410	2.86E-02	505.8395	207.1896	325.2599	701.4299	638.6644	358.0038	275.0472	159.1294	199.6394	194.9424
P04080	CYTB_HUMAN	CSTB	Cystatin-B	3	0.410	2.86E-02	994.114	407.8256	778.1866	998.8409	936.1478	1263.281	425.7881	403.1336	415.9969	386.3838
Q9NRW1	RAB6B_HUMAN	RAB6B	Ras-related protein Rab-6B	1	0.421	2.86E-02	163.3403	68.76252	126.8078	206.5611	184.9873	135.0049	85.8709	56.1084	68.52971	64.54106
Q9BWD1	THIC_HUMAN	ACAT2	Acetyl-CoA acetyltransferase, cytosolic	5	0.423	2.86E-02	532.0752	224.8967	711.4686	396.1399	442.448	578.2442	280.2924	131.3257	237.8553	250.1135
P60660	MYL6_HUMAN	MYL6	Myosin light polypeptide 6	6	0.425	2.86E-02	703.8592	298.9725	737.3002	721.4835	725.6324	631.0209	121.2961	363.4225	305.6924	405.4789
Q9HDC9	APMAP_HUMAN	APMAP	Adipocyte plasma membrane-associated protein	4	0.427	2.86E-02	229.8735	98.13863	173.8442	237.7764	347.196	160.6777	113.7859	109.3578	72.29474	97.11603
Q9UL46	PSME2_HUMAN	PSME2	Proteasome activator complex subunit 2	5	0.427	2.86E-02	448.7385	191.7612	504.2169	499.4859	369.1382	422.1128	119.1106	148.7251	262.1188	237.0903
P07355	ANXA2_HUMAN	ANXA2	Annexin A2	6	0.429	2.86E-02	6553.053	2812.344	7377.539	4335.358	5566.08	8933.237	2532.635	3176.801	2917.045	2622.894
P13637	AT1A3_HUMAN	ATP1A3	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-3	1	0.430	2.86E-02	163.4517	70.24587	208.2403	168.4374	162.1197	115.0096	104.2094	83.57804	93.19606	0
P21912	SDHB_HUMAN	SDHB	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur subunit, mitochondrial	4	0.438	2.86E-02	234.0005	102.5711	179.7835	318.8759	289.3774	147.9654	134.9258	104.6715	101.3071	69.37995
P53634	CATC_HUMAN	CTSC	Dipeptidyl peptidase 1	2	0.439	2.86E-02	139.0717	61.06609	144.5366	163.1694	142.0727	106.5079	71.33722	59.69439	56.60712	56.62565
Q15942	ZYX_HUMAN	ZYX	Zyxin	3	0.450	2.86E-02	200.3554	90.1036	185.8119	186.1707	186.2259	243.2131	74.31747	68.4383	87.86615	129.7925

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P11021	GRP78_HUMAN	HSPA5	78 kDa glucose-regulated protein	27	0.452	2.86E-02	19021.08	8601.756	16456.07	20614.53	21221.47	17792.24	7951.861	7795.31	9224.247	9435.604
P04792	HSPB1_HUMAN	HSPB1	Heat shock protein beta-1	12	0.459	2.86E-02	15974.18	7338.677	10562.23	23014.95	20501.34	9818.172	6939.262	7007.425	7710.367	7697.655
Q9UJZ1	STIML2_HUMAN	STOML2	Stomatin-like protein 2, mitochondrial	8	0.461	2.86E-02	521.2187	240.1615	473.0457	618.6036	504.6318	488.5936	235.9671	234.5923	268.2353	221.8514
P52565	GDIR1_HUMAN	ARHGDI3	Rho GDP-dissociation inhibitor 1	6	0.473	2.86E-02	920.4561	435.7802	1105.537	751.0253	710.7641	1114.498	275.7624	338.4974	631.905	496.956
O00505	IMA4_HUMAN	KPNA3	Importin subunit alpha-4	3	0.475	2.86E-02	87.65627	41.61588	94.21049	91.12719	61.82259	103.4648	40.7102	36.7408	39.62576	49.38677
Q8T8C4	UBA3_HUMAN	UBA3	NEDD8-activating enzyme E1 catalytic subunit	2	0.476	2.86E-02	59.05445	28.08747	59.94402	58.42168	67.713	50.13911	37.88393	47.92449	6.735991	19.80545
Q15435	PPP1R7_HUMAN	PPP1R7	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 7	1	0.479	2.86E-02	22.19366	10.62112	24.0084	21.86914	23.82857	19.06853	9.887472	9.100545	14.19245	9.303993
O00299	CLIC1_HUMAN	CLIC1	Chloride intracellular channel protein 1	7	0.483	2.86E-02	1850.097	892.7078	2331.327	1430.829	1267.292	2370.941	1004.225	811.9066	858.7363	895.9639
Q9Y1624	JAM1_HUMAN	F11R	Junctional adhesion molecule A	2	0.483	2.86E-02	178.2642	86.10277	234.4931	171.8455	168.5974	138.1209	103.9411	81.75066	118.9392	39.78003
Q15019	SEPT7_HUMAN	SEPT2	Septin-2	9	0.484	2.86E-02	781.1237	377.9209	662.8846	829.5601	889.7568	742.2934	379.1174	302.0068	474.7886	355.7708
P30101	PDI3A_HUMAN	PDI3A	Protein disulfide-isomerase A3	20	0.485	2.86E-02	6689.744	3246.794	6659.312	6825.894	7430.284	5843.486	3296.249	2683.282	3871.146	3136.499
Q06323	PSME1_HUMAN	PSME1	Proteasome activator complex subunit 1	9	0.490	2.86E-02	575.8467	282.1035	355.5669	724.6044	762.9947	460.2207	297.2325	229.34	246.6171	355.2245
P55145	MANF_HUMAN	MANF	Mesencephalic astrocyte-derived neurotrophic factor	5	0.491	2.86E-02	706.4009	346.5205	593.0877	814.9692	769.6326	647.914	344.4571	298.4916	383.1342	359.9991
P52907	CAZA1_HUMAN	CAPZA1	F-actin-capping protein subunit alpha-1	5	0.492	2.86E-02	877.5203	431.5011	880.7777	1007.436	844.3526	777.5143	404.082	414.3582	442.4915	465.0728
P04181	OAT_HUMAN	OAT	Ornithine aminotransferase, mitochondrial	12	0.494	2.86E-02	807.4928	399.0224	838.1225	835.2209	922.623	634.0048	351.2322	347.5099	509.526	387.8214
Q9NY33	DPP3_HUMAN	DPP3	Dipeptidyl peptidase 3	7	0.499	2.86E-02	160.3153	80.06347	162.3302	117.3632	187.8346	173.733	70.74448	92.49879	69.92416	87.08646
O75340	PDCD6_HUMAN	PDCD6	Programmed cell death protein 6	4	2.006	2.86E-02	339.8354	681.6359	393.3067	357.1035	339.3302	269.6011	747.2477	668.3689	659.7321	651.195
Q8NBJ7	SUMF2_HUMAN	SUMF2	Sulfatase-modifying factor 2	2	2.015	2.86E-02	47.30807	95.3319	47.19032	62.58063	45.7174	33.74392	106.4942	67.0825	110.0767	97.67417
Q58FF7	H90B3_HUMAN	HSP90A3P	Putative heat shock protein HSP 90-beta-3	7	2.020	2.86E-02	1882.959	3803.145	2640.573	1481.441	1280.47	2109.353	3930.68	3878.504	3586.491	381.6904
P63241	IF5A1_HUMAN	EIF5A	Eukaryotic translation initiation factor 5A-1	9	2.024	2.86E-02	935.2256	1892.893	1154.789	764.6574	815.7281	1005.728	1459.169	1644.453	2568.047	1899.904
Q8TAA3	PSA7L_HUMAN	PSMA8	Proteasome subunit alpha type-7-like	5	2.026	2.86E-02	451.2151	914.2314	407.8916	428.545	401.2863	567.1373	958.2493	907.7948	930.3338	860.5475
Q15366	PCBP2_HUMAN	PCBP2	Poly(I:C)-binding protein 2	5	2.034	2.86E-02	580.2109	1180.094	786.5324	557.4609	514.0315	462.8186	1307.652	1201.217	1151.804	1059.701
P78417	GSTO1_HUMAN	GSTO1	Glutathione S-transferase omega-1	5	2.039	2.86E-02	266.8058	543.9635	325.0493	251.0388	239.4424	251.6929	561.0417	540.5407	418.104	656.1675
P57721	PCBP3_HUMAN	PCBP3	Poly(I:C)-binding protein 3	2	2.042	2.86E-02	304.2125	621.3173	380.8285	303.5686	285.2844	247.1684	625.9516	635.0634	583.5793	640.6749
Q07955	SRSF1_HUMAN	SRSF1	Serine/arginine-rich splicing factor 1	6	2.045	2.86E-02	272.0645	556.488	310.8452	264.6824	268.503	244.2275	562.3133	605.5339	526.1485	531.9564
P43243	MATR3_HUMAN	MATR3	Matrin-3	7	2.053	2.86E-02	584.8356	1200.381	797.8924	534.6098	532.8417	473.9985	1166.916	1238.983	1193.886	1201.739
Q14240	IF4A2_HUMAN	EIF4A2	Eukaryotic initiation factor 4A-II	2	2.081	2.86E-02	72.41316	150.6782	73.38646	78.61569	92.00426	45.64625	168.7914	147.4675	146.6657	139.7882
Q99497	PARK7_HUMAN	PARK7	Protein deglycase DJ-1	7	2.087	2.86E-02	678.3869	1415.779	767.7178	846.271	578.3233	521.2356	1634.855	1193.76	1399.088	1435.413
Q58FG0	HS905_HUMAN	HSP90AA5P	Putative heat shock protein HSP 90-alpha A5	4	2.090	2.86E-02	229.3783	479.4621	290.2594	219.6075	196.7112	210.9353	461.2273	514.8022	475.9933	465.8255
P19623	SPEE_HUMAN	SRM	Spermidine synthase	4	2.093	2.86E-02	174.2421	364.6422	159.9156	178.65	185.4945	172.9084	398.2407	365.0436	334.0339	361.2507
P10619	PPGB_HUMAN	CTSA	Lysosomal protective protein	2	2.098	2.86E-02	41.73282	87.55362	39.19292	46.73041	54.35726	26.65069	99.76879	82.36961	82.15663	85.91944
Q9HB71	CYBP_HUMAN	CACYBP	Calcyclin-binding protein	7	2.100	2.86E-02	313.411	658.253	445.6828	224.8143	172.8417	410.3054	725.2137	570.6827	687.6289	649.4867
Q92536	YLAT2_HUMAN	SLC7A6	Y+L amino acid transporter 2	1	2.101	2.86E-02	56.15111	117.9705	93.6676	0	75.40968	55.52715	134.4092	109.4463	114.2678	113.7587

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q99961	SH3G1_HUMAN	SH3GL1	Endophilin-A2	2	2.105	2.86E-02	42.276	88.97457	48.11403	39.2212	43.77766	37.99111	89.79489	89.55141	89.51625	87.03572
P11908	PRPS2_HUMAN	PRPS2	Ribose-phosphate γyrophosphokinase 2	6	2.105	2.86E-02	219.3197	461.6649	177.0366	387.3599	164.9314	147.9508	405.1092	444.7497	494.2413	502.5594
P42167	LAP2B_HUMAN	TMPO	Lamina-associated polypeptide 2, isoforms beta/gamma	4	2.108	2.86E-02	79.65241	167.943	84.99768	39.08257	70.34678	124.1826	142.7837	171.9505	171.2623	185.7754
Q96J6	GMPPA_HUMAN	GMPPA	Mannose-1-phosphate guanylttransferase alpha	4	2.139	2.86E-02	56.46663	120.7751	47.96818	59.92352	62.86365	55.11118	139.9624	78.59696	132.8373	131.7037
P50897	PPT1_HUMAN	PPT1	Palmitoyl-protein thioesterase 1	1	2.140	2.86E-02	29.76225	63.69415	27.80858	43.33394	26.52463	21.38186	69.4696	58.30912	69.00227	57.99562
P15586	GNS_HUMAN	GNS	N-acetylglucosamine-6-sulfatase	2	2.140	2.86E-02	30.64482	65.58507	39.97889	22.92043	25.48358	34.19637	69.88683	68.45795	50.72717	73.26831
P00338	LDHA_HUMAN	LDHA	L-lactate dehydrogenase A chain	18	2.153	2.86E-02	3901.521	8398.726	4498.023	3465.985	3546.968	4095.106	8609.512	8351.689	8622.813	8010.889
Q9UMY4	SNX12_HUMAN	SNX12	Sorting nexin-12	1	2.158	2.86E-02	25.48942	55.0084	39.24964	35.06225	27.64577	0	60.22089	59.39965	50.23136	50.18169
P26885	FKBP2_HUMAN	FKBP2	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP2	4	2.159	2.86E-02	130.9179	282.6501	126.508	158.895	77.75873	160.5099	272.653	252.8169	316.4173	288.713
Q13561	DCTN2_HUMAN	DCTN2	Dynactin subunit 2	5	2.169	2.86E-02	74.89153	162.4246	97.61363	43.22996	82.01785	76.70467	170.2815	186.7758	119.2801	173.3611
Q95757	H574L_HUMAN	HSPA4L	Heat shock 70 kDa protein 4L	3	2.169	2.86E-02	77.2228	167.5289	88.88699	72.65453	73.79026	73.55942	171.6325	194.7141	127.3447	176.4241
Q01082	SPTB2_HUMAN	SPTBN1	Spectrin beta chain, non-erythrocytic 1	19	2.187	2.86E-02	273.5518	598.3692	278.0939	173.4513	274.2154	368.4466	572.5058	543.0624	643.3395	634.5692
Q00266	METK1_HUMAN	MAT1A	S-adenosylmethionine synthase isoform type-1	2	2.188	2.86E-02	38.51659	84.2769	42.6933	37.14173	36.27673	37.95462	93.72882	113.3958	75.74214	54.24088
P26441	EFI_G_HUMAN	EEF1G	Elongation factor 1-gamma	14	2.196	2.86E-02	1829.193	4016.204	1878.127	1375.401	1933.22	2130.023	3723.93	4313.44	3851.234	4176.211
O00483	NDU4A_HUMAN	NDUFA4	Cytochrome c oxidase subunit NDUFA4	1	2.202	2.86E-02	25.17492	55.44063	28.90245	41.3931	30.40412	0	58.47248	55.53857	54.40698	53.34447
Q92526	TCPW_HUMAN	CCT6B	T-complex protein 1 subunit zeta-2	2	2.219	2.86E-02	125.6999	278.9404	131.5884	113.6086	118.8759	138.7266	302.7933	300.2404	235.198	277.53
P38919	IF4A3_HUMAN	EIF4A3	Eukaryotic initiation factor 4A-III	3	2.227	2.86E-02	109.7448	244.3631	96.08222	99.53751	116.0464	127.3133	244.7182	285.2873	214.3819	233.0649
P20618	PSB1_HUMAN	PSMB1	Proteasome subunit beta type-1	4	2.233	2.86E-02	195.7805	437.2316	230.7983	197.3652	218.6035	136.3549	464.1241	445.3107	412.8206	426.6712
P38606	VATA_HUMAN	ATP6V1A	V-type proton ATPase catalytic subunit A	7	2.254	2.86E-02	159.7554	360.0177	199.0356	169.9508	150.2748	119.7603	376.316	333.3592	335.2269	395.1686
Q8NCW5	NNRE_HUMAN	APOA1BP	NAD(P)H-hydrate epimerase	5	2.264	2.86E-02	164.7741	373.0417	137.787	208.7446	170.5104	142.0543	419.3806	348.1747	369.027	355.5847
P24752	THIL_HUMAN	ACAT1	Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial	6	2.264	2.86E-02	172.3431	390.1793	118.4782	232.4737	220.2586	118.1621	427.5465	412.8109	354.9197	365.4401
P14314	GLU2B_HUMAN	PRKCSH	Glucosidase 2 subunit beta	6	2.271	2.86E-02	435.6427	989.4893	444.597	526.8695	471.8021	299.3022	998.3038	933.8203	1009.531	1016.302
P12955	PEPD_HUMAN	PEPD	Xaa-Pro dipeptidase	2	2.280	2.86E-02	28.16546	64.20967	30.02063	7.763372	38.39443	36.48343	62.70443	58.90842	75.57945	59.64636
Q92945	FUBP2_HUMAN	KHSRP	Far upstream element-binding protein 2	6	2.286	2.86E-02	275.001	628.614	411.6756	215.4105	292.2959	180.6219	667.6982	637.441	576.1345	633.1823
O43432	IF4G3_HUMAN	EIF4G3	Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma.3	1	2.290	2.86E-02	17.32499	39.68254	29.20225	14.97222	0	25.1255	44.71366	44.91816	32.2274	36.87094
P49257	LMAN1_HUMAN	LMAN1	Protein ERGIC-53	3	2.294	2.86E-02	82.06159	188.225	105.9838	88.16972	100.9911	33.10174	216.9025	187.0116	120.4706	228.5153
E9PAV3	NACAM_HUMAN	NACA	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form	5	2.302	2.86E-02	534.6411	1230.81	699.3307	412.7641	411.679	614.7904	1355.298	1357.31	1074.582	1136.048
P12268	IMDH2_HUMAN	IMPDH2	Inosine-5-monophosphate dehydrogenase 2	14	2.302	2.86E-02	708.3945	1630.888	834.0275	749.0152	568.9138	681.6214	1741.578	1759.752	1400.498	1621.724
P62333	PR510_HUMAN	PSMC6	26S protease regulatory subunit 10B	5	2.304	2.86E-02	117.8901	271.6025	124.377	92.30556	177.4241	77.45388	279.2096	310.7527	221.4549	274.993
P15880	RS2_HUMAN	RPS2	40S ribosomal protein S2	4	2.305	2.86E-02	386.0541	889.8568	308.6331	345.8628	364.3689	525.3515	867.8484	1007.613	777.7184	906.2472
P00558	PGK1_HUMAN	PGK1	Phosphoglycerate kinase 1	16	2.309	2.86E-02	4459.32	10298.21	4379.366	5225.049	4501.936	3730.929	11554.22	10112.95	9905.58	9620.086
P13639	EF2_HUMAN	EEF2	Elongation factor 2	28	2.313	2.86E-02	3589.719	8304.748	4394.315	2201.354	3083.427	4679.78	7055.094	8189.485	9722.811	8251.6
Q15833	STXB2_HUMAN	STXB2	Syntaxin-binding protein 2	1	2.316	2.86E-02	0.63287	1.465945	0.701211	0.356861	0.734166	0.739243	1.050041	1.485482	1.092323	2.235935

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P47897	SYQ_HUMAN	QARS	Glutamine-tRNA ligase	7	2.346	2.86E-02	99.70547	233.8933	111.2181	67.55751	100.8844	119.1619	277.6598	293.8642	190.9164	173.1328
P20290	BTf3_HUMAN	BTf3	Transcription factor BTf3	3	2.354	2.86E-02	166.1556	391.1263	227.7597	124.3098	104.3723	208.1805	406.3271	408.8221	367.6403	381.7157
O00571	DDX3X_HUMAN	DDX3X	ATP-dependent RNA helicase DDX3X	11	2.359	2.86E-02	417.2634	984.2402	515.9173	237.4413	304.0937	611.6013	993.5921	1059.615	969.5102	914.2438
P40939	ECHA_HUMAN	HADHA	Trifunctional enzyme subunit alpha, mitochondrial	13	2.369	2.86E-02	365.1357	864.896	241.0563	366.7038	499.9017	352.8809	888.2025	880.1611	898.8214	792.3988
P23526	SAHH_HUMAN	AHCY	Adenosylhomocysteinase	8	2.372	2.86E-02	660.3273	1566.298	600.6103	616.2869	702.7195	721.6923	1635.064	1625.306	1407.803	1597.019
P30050	RL12_HUMAN	RPL12	60S ribosomal protein L12	4	2.377	2.86E-02	551.005	1309.794	664.4242	432.2765	423.1217	684.1975	1497.674	1419.854	1189.083	1132.564
Q16401	PSMD5_HUMAN	PSMD5	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 5	10	2.389	2.86E-02	151.8739	362.7888	189.1259	132.6127	173.4912	112.2657	340.4855	418.4787	365.2387	326.9522
Q96PK6	RBM14_HUMAN	RBM14	RNA-binding protein 14	6	2.392	2.86E-02	126.9383	303.6681	151.3834	113.8974	123.5295	118.943	356.5868	386.1468	217.5969	254.3419
P50570	DYN2_HUMAN	DNM2	Dynammin-2	4	2.405	2.86E-02	43.1667	103.7956	48.55158	38.1237	27.9394	58.0521	126.7202	100.9381	93.16508	94.35917
P54725	RD23A_HUMAN	RAD23A	UV excision repair protein RAD23 homolog A	1	2.431	2.86E-02	13.51897	32.85881	23.81393	14.10577	6.472331	9.683864	36.44844	27.82332	36.17836	30.98512
Q8TD47	RS4Y2_HUMAN	RPS4Y2	40S ribosomal protein S4, Y isoform 2	2	2.432	2.86E-02	106.1656	258.1496	131.1022	81.13416	83.55126	128.8749	267.7257	308.2966	175.0041	281.5722
O95817	BAG3_HUMAN	BAG3	BAG family molecular chaperone regulator 3	3	2.438	2.86E-02	9.013088	21.97494	9.788102	8.550106	11.57616	6.137979	14.91118	24.63818	19.41856	28.93185
P62851	RS25_HUMAN	RPS25	40S ribosomal protein S25	4	2.443	2.86E-02	241.551	590.0776	313.7216	166.4157	177.9491	308.1176	654.6017	656.7463	649.3356	399.6269
P62633	CNBP_HUMAN	CNBP	Cellular nucleic acid-binding protein	1	2.445	2.86E-02	57.85459	141.4759	89.37315	48.53262	42.24722	51.26537	161.0328	158.1764	105.8236	140.8707
Q13310	PABP4_HUMAN	PABPC4	Polyadenylate-binding protein 4	10	2.469	2.86E-02	325.2972	803.1434	396.5575	200.6115	283.4247	420.595	862.5436	800.3626	818.1344	731.533
Q00688	FKBP3_HUMAN	FKBP3	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP3	5	2.473	2.86E-02	89.27262	220.7812	95.47991	84.02232	40.70788	136.8804	174.6028	258.2205	229.0082	221.2933
P55735	SEC13_HUMAN	SEC13	Protein SEC13 homolog	4	2.477	2.86E-02	74.79416	185.2397	64.75705	76.12032	90.68737	67.61191	173.9472	169.6417	191.6368	205.7331
P11586	C11C_HUMAN	MTHFD1	C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic	15	2.502	2.86E-02	597.5384	1494.762	636.7857	506.5831	548.8312	697.9534	1402.361	1503.55	1546.601	1526.536
Q9H727	PGES2_HUMAN	PTGES2	Prostaglandin E synthase 2	2	2.503	2.86E-02	49.16181	123.0558	63.19592	54.36671	45.24581	33.83879	133.5549	137.2008	131.4041	90.0632
P50402	EMD_HUMAN	EMD	Emerin	2	2.508	2.86E-02	52.59381	131.9227	53.46184	57.55523	56.00337	43.35481	132.5217	108.8273	139.8561	146.4859
O15460	P4HA2_HUMAN	P4HA2	Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-2	2	2.513	2.86E-02	24.07493	60.48868	27.07934	37.18794	32.03243	0	50.81324	37.57917	77.84157	75.72074
Q9BV86	NTM1A_HUMAN	NTM1	N-terminal Xaa-Pro-Lys N-methyltransferase 1	1	2.513	2.86E-02	18.56305	46.64489	27.67084	15.89643	14.3968	16.28816	55.08493	46.4901	41.09768	43.90687
Q14979	HNRDL_HUMAN	HNRNDL	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D-like	3	2.521	2.86E-02	94.57559	238.4408	130.7619	69.89345	85.17957	92.4674	229.3997	252.0113	228.8688	243.4835
P49773	HINT1_HUMAN	HINT1	Histidine triad nucleotide-binding protein 1	1	2.533	2.86E-02	52.24971	132.326	0	85.18914	59.80277	64.00691	140.2704	149.4325	111.2465	128.3549
Q9Y383	TMED7_HUMAN	TMED7	Transmembrane emp24 domain-containing protein 7	2	2.534	2.86E-02	27.23699	69.01488	30.74987	0	46.03772	32.16035	53.1279	76.23905	73.62721	73.06535
P24534	EF1B_HUMAN	EEF1B2	Elongation factor 1-beta	4	2.536	2.86E-02	499.309	1266.023	533.6298	504.6846	480.5666	478.3552	1364.457	1282.643	1277.63	1139.363
Q8WXF0	SRSF12_HUMAN	SRSF12	Serine/arginine-rich splicing factor 12	1	2.536	2.86E-02	14.01826	35.54509	29.87478	0	0	26.19825	37.87896	38.67953	35.65156	29.97033
Q9G2L7	WDR12_HUMAN	WDR12	Ribosome biogenesis protein WDR12	1	2.545	2.86E-02	7.980601	20.31447	16.22167	8.033703	3.056428	4.610599	20.33523	18.51941	24.99948	17.40376
P05455	LA_HUMAN	SSB	Lupus La protein	5	2.547	2.86E-02	123.9447	315.6739	105.2464	78.43085	61.0289	251.0726	347.7255	349.668	292.8123	272.4898
P31153	METK2_HUMAN	MAT2A	S-adenosylmethionine synthase isoform type-2	4	2.552	2.86E-02	122.0105	311.4069	114.5727	130.8452	139.3856	103.2386	318.231	350.6308	284.0814	292.6842
P62495	ERF1_HUMAN	ETF1	Eukaryotic peptide chain release factor subunit 1	3	2.568	2.86E-02	43.68927	112.177	68.54102	18.64595	14.46798	73.10211	108.8884	92.37107	146.6114	100.837
P62280	RST1_HUMAN	RPS11	40S ribosomal protein S11	4	2.596	2.86E-02	84.68711	219.8525	110.6607	0	112.2025	115.8853	154.5915	292.3394	186.9829	245.4962
P55209	NP1L1_HUMAN	NAP1L1	Nucleosome assembly protein 1-like 1	3	2.613	2.86E-02	185.5447	484.7383	310.4806	153.9158	46.26017	231.5224	521.0667	582.4427	341.1534	494.2905

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O43488	ARK72_HUMAN	AKR7A2	Aflatoxin B1 aldehyde reductase member 2	2	2.624	2.86E-02	37.00833	97.12361	45.48064	40.02988	36.62375	25.89905	98.76544	95.98653	96.82939	96.91307
P17812	PYRG1_HUMAN	CTPS1	CTP synthase 1	5	2.642	2.86E-02	61.99892	163.774	59.10134	22.30814	69.0032	97.58299	137.2106	173.0607	189.3747	155.4499
P21333	FLNA_HUMAN	FLNA	Filamin-A	66	2.643	2.86E-02	4495.979	11883.71	5054.037	3021.736	3239.057	6669.085	13651.89	11841	10048.42	11993.54
P62258	I433E_HUMAN	YWHAE	14-3-3 protein epsilon	7	2.646	2.86E-02	752.4472	1991.279	915.3496	601.9386	732.5254	759.9753	1747.966	1851.646	2279.879	2085.627
Q13283	G3BP1_HUMAN	G3BP1	Ras GTPase-activating protein-binding protein 1	5	2.647	2.86E-02	136.6929	361.7627	208.3699	100.6697	67.01303	170.7192	338.8543	379.3973	366.7029	362.0963
P53396	ACLY_HUMAN	ACLY	ATP-citrate synthase	12	2.649	2.86E-02	285.674	756.8633	342.8024	154.7014	190.9044	454.2878	782.1961	714.8393	793.2356	737.1821
P32119	PRDX2_HUMAN	PRDX2	Peroxisiredoxin-2	8	2.653	2.86E-02	2708.794	7185.669	2780.964	3183.71	2734.52	2135.982	7733.716	7102.512	6846.541	7059.906
P39023	RL3_HUMAN	RPL3	60S ribosomal protein L3	5	2.656	2.86E-02	74.62292	198.2295	110.4241	49.28355	65.96901	72.81507	171.5199	207.83	158.5159	255.0522
P55327	TPD52_HUMAN	TPD52	Tumor protein D52	1	2.687	2.86E-02	20.46896	54.99081	37.71012	44.16573	0	0	58.39301	59.35053	46.20294	56.01677
Q00341	VIGLN_HUMAN	HDLBP	Vigilin	13	2.687	2.86E-02	223.4337	600.3253	295.7752	205.2072	79.31586	313.4366	623.5044	571.2623	636.8785	569.6561
Q14152	EIF3A_HUMAN	EIF3A	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A	12	2.691	2.86E-02	284.1339	764.5211	319.8797	170.3667	209.501	436.7882	878.9349	845.9685	768.4143	564.7664
P23396	RS3_HUMAN	RPS3	40S ribosomal protein S3	12	2.695	2.86E-02	799.0255	2153.6	747.3556	632.761	723.0076	1092.978	2195.649	2496.21	2006.132	1916.41
P13804	EIFA_HUMAN	EIFA	Electron transfer flavoprotein subunit alpha, mitochondrial	9	2.697	2.86E-02	235.7613	635.8247	157.7422	421.7482	224.5411	139.0136	647.8395	570.5343	735.6377	589.2873
P15531	NDKA_HUMAN	NME1	Nucleoside diphosphate kinase A	8	2.697	2.86E-02	1616.416	4359.487	1731.251	1311.578	1388.964	2033.869	4506.037	4712.762	3484.921	4734.229
Q9NQ74	EXOSC5_HUMAN	EXOSC5	Exosome complex component RRP46	2	2.711	2.86E-02	31.80216	86.20275	51.37133	35.43194	40.40535	0	94.53349	88.45737	96.50402	65.11611
Q8N684	CP5F7_HUMAN	CP5F7	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 7	2	2.711	2.86E-02	9.951589	26.9829	11.87861	6.277702	8.29551	13.35454	23.1466	31.35036	24.31	29.12466
P18206	VINC_HUMAN	VCL	Vinculin	21	2.722	2.86E-02	720.7729	1962.263	1011.213	641.7143	693.7958	536.3683	1695.939	1932.847	2113.079	2107.188
Q14498	RBM39_HUMAN	RBM39	RNA-binding protein 39	4	2.723	2.86E-02	49.27184	134.1918	51.24979	39.0248	48.6804	58.13237	163.9037	120.5579	130.5132	121.7925
P29692	EF1D_HUMAN	EEF1D	Elongation factor 1-delta	7	2.726	2.86E-02	988.3969	2694.501	1074.26	916.2396	875.7044	1087.383	2842.67	2927.471	2484.554	2523.309
Q9NR31	SAR1A_HUMAN	SAR1A	GTP-binding protein SAR1a	3	2.733	2.86E-02	38.70788	105.8022	76.86253	39.35983	8.601598	30.00757	91.64761	98.22655	110.8824	122.4521
Q9NSD9	SYFB_HUMAN	FARSB	Phenylalanine-tRNA ligase beta subunit	13	2.749	2.86E-02	203.8094	560.2055	118.0568	144.5928	297.341	255.2468	618.4513	571.2132	553.831	497.3264
P08574	CY1_HUMAN	CYC1	Cytochrome c1, heme protein, mitochondrial	4	2.765	2.86E-02	120.7989	334.0422	124.1663	195.771	126.537	36.72133	351.3614	354.5148	309.6	320.6926
O43684	BUB3_HUMAN	BUB3	Mitotic checkpoint protein BUB3	4	2.772	2.86E-02	75.68433	209.7974	101.9324	78.29222	63.70895	58.80375	210.1175	224.2273	200.2282	204.6168
Q93096	TP4A1_HUMAN	PTP4A1	Protein tyrosine phosphatase type IVA 1	1	2.787	2.86E-02	6.969578	19.42493	0	8.584764	8.850739	10.44281	24.25922	21.32925	14.38613	17.72511
Q9Y6H1	CHCH2_HUMAN	CHCHD2	Coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain-containing protein 2	1	2.795	2.86E-02	45.22288	126.38	41.88303	54.20497	57.72956	27.07395	140.3697	115.1445	128.7547	121.2513
Q9UBS4	DJB11_HUMAN	DNAJB11	DnaJ homolog subfamily B member 11	6	2.797	2.86E-02	120.524	337.0926	38.30973	145.2051	149.8495	148.7316	293.0975	302.5099	379.098	373.665
P43307	SSRA_HUMAN	SSR1	Translocon-associated protein subunit alpha	3	2.808	2.86E-02	114.3884	321.2057	127.1238	105.4987	112.2203	112.7108	271.6894	272.1616	386.4189	354.553
Q9G2T3	SLRP_HUMAN	SLRP	SRA stem-loop-interacting RNA-binding protein, mitochondrial	4	2.834	2.86E-02	89.08472	252.481	71.67678	69.79641	112.0868	102.7789	246.0295	247.7376	229.9843	286.1726
P42704	LPPRC_HUMAN	LRPPRC	Leucine-rich PPR motif-containing protein, mitochondrial	27	2.835	2.86E-02	714.2173	2024.624	623.473	726.8018	892.8987	613.6957	2059.097	2137.095	2026.102	1876.201
O95433	AHSA1_HUMAN	AHSA1	Activator of 90 kDa heat shock protein ATPase homolog 1	2	2.837	2.86E-02	88.56177	251.2925	122.8374	74.2719	41.17947	115.9583	254.4139	263.9482	246.098	240.7097
P60842	IF4A1_HUMAN	EIF4A1	Eukaryotic initiation factor 4A-1	15	2.861	2.86E-02	955.6531	2734.4	1103.609	931.3389	804.8949	982.7699	2803.004	3330.939	2125.423	2678.234
Q9Y3A5	SBDS_HUMAN	SBDS	Ribosome maturation factor SBDS	2	2.880	2.86E-02	39.80249	114.6126	79.98208	0	42.3095	36.91836	92.99369	119.1137	118.242	128.1012
P29401	TKT_HUMAN	TKT	Transketolase	22	2.897	2.86E-02	3047.594	8829.533	2318.541	3065.989	3384.671	3421.177	8574.41	9044.84	8813.903	8884.981

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q96AE4	FUBP1_HUMAN	FUBP1	Far upstream element-binding protein 1	4	2.912	2.86E-02	113.8759	331.6094	129.1819	68.61111	71.19208	186.5184	345.6194	371.9601	313.7213	295.1367
O00148	DX39A_HUMAN	DDX39A	ATP-dependent RNA helicase DDX39A	1	2.959	2.86E-02	12.76468	37.76534	0	15.9773	18.75677	16.32465	41.44532	43.06131	31.56116	34.99357
P62906	RL10A_HUMAN	RPL10A	60S ribosomal protein L10a	3	2.963	2.86E-02	30.0479	89.03492	0	27.80026	40.84135	51.54997	128.6375	106.4006	58.9622	62.13938
P10599	THIO_HUMAN	TXN	Thioredoxin	3	2.973	2.86E-02	54.43973	161.873	59.10944	14.8798	47.14996	96.61971	158.9069	165.3483	161.749	161.488
O14818	PSA7_HUMAN	PSMA7	Proteasome subunit alpha type-7	3	2.980	2.86E-02	91.3849	272.3514	117.8948	67.30566	58.3969	121.9423	250.8475	251.9131	283.1363	303.5087
Q9UHX1	PUF60_HUMAN	PUF60	Poly(U)-binding-splicing factor PUF60	8	3.005	2.86E-02	160.9077	483.4947	212.9925	58.69894	186.5266	185.4128	466.3891	427.9113	519.8321	519.8465
Q08945	SSRP1_HUMAN	SSRP1	FACT complex subunit SSRP1	12	3.006	2.86E-02	217.8541	654.8823	268.8068	196.8673	162.3475	243.3948	546.5379	634.9455	687.536	750.5097
Q15370	ELOB_HUMAN	TCEB2	Transcription elongation factor B polypeptide 2	1	3.053	2.86E-02	18.72636	57.17613	42.06129	32.84414	0	0	63.43956	54.48734	49.80528	60.97236
Q13435	SF3B2_HUMAN	SF3B2	Splicing factor 3B subunit 2	6	3.067	2.86E-02	45.18768	138.5803	72.81919	42.07817	47.63134	18.22201	100.7523	136.4345	182.3017	134.8326
Q14696	MESD_HUMAN	MESDC2	LDLR chaperone MESD	2	3.076	2.86E-02	19.86639	61.10203	26.12321	25.39269	0	27.94966	58.46254	48.46485	86.48719	50.99353
P10809	CH60_HUMAN	HSPD1	60 kDa heat shock protein, mitochondrial	37	3.095	2.86E-02	4929.487	15256.03	2920.578	6334.97	6294.497	4167.903	15284.56	15297.71	14856.44	15585.39
Q6Y116	HSDL2_HUMAN	HSDL2	Hydroxysteroid dehydrogenase-like protein 2	3	3.132	2.86E-02	30.40237	95.8526	19.46277	57.95958	28.3487	16.63844	113.6866	89.71843	85.697	94.30843
O96019	ACT16A_HUMAN	ACT16A	Actin-like protein 6A	3	3.135	2.86E-02	51.42555	161.833	65.04064	53.6851	44.72083	43.05561	120.263	221.3978	143.9465	161.7247
P26639	SYTC_HUMAN	TARS	Threonine-tRNA ligase, cytoplasmic	9	3.153	2.86E-02	197.8567	623.8055	219.6651	85.42019	118.8581	367.4833	629.0908	809.5978	504.3433	552.1903
Q04760	LGUL_HUMAN	GLO1	Lactoylglutathione lyase	3	3.166	2.86E-02	76.72453	242.8859	45.82906	71.56396	61.3599	128.1452	271.5434	226.5754	243.1	230.325
P46060	RAGP1_HUMAN	RANGAP1	Ran GTPase-activating protein 1	5	3.181	2.86E-02	72.99367	232.1911	84.69788	79.7594	66.66305	60.85437	240.2676	264.1349	195.6265	228.7351
O75821	EIF3G_HUMAN	EIF3G	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G	6	3.181	2.86E-02	162.1386	515.8389	225.3613	119.7777	169.5049	133.9103	530.8022	501.3831	529.6682	501.5023
Q99714	HCD2_HUMAN	HSD17B10	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2	12	3.182	2.86E-02	486.6245	1548.392	332.9089	667.2572	591.7725	354.5593	1597.249	1523.313	1572.511	1500.495
Q98T10	AN32E_HUMAN	ANP32E	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member E	2	3.204	2.86E-02	51.55142	165.192	122.6997	0	0	83.506	141.8598	169.6712	184.5019	164.7353
Q12931	TRAP1_HUMAN	TRAP1	Heat shock protein 75 kDa, mitochondrial	10	3.214	2.86E-02	252.9119	812.8207	206.8223	288.5849	290.5342	225.7063	943.6163	822.4484	716.5096	768.7084
P36405	ARL3_HUMAN	ARL3	ADP-ribosylation factor-like protein 3	4	3.227	2.86E-02	97.08694	313.2985	110.0027	86.25198	101.6763	90.41679	348.0632	274.0676	311.0641	319.9992
O75223	GGCT_HUMAN	GGCT	Gamma-glutamylcyclotransferase	2	3.243	2.86E-02	23.30069	75.57569	26.73902	38.33165	0	28.1321	89.29818	79.06854	40.06734	93.86868
Q92973	TNPO1_HUMAN	TNPO1	Transportin-1	9	3.248	2.86E-02	138.7907	450.833	103.0911	96.53383	154.5921	200.9457	471.3859	539.4109	412.2318	380.3035
Q04637	IF4G1_HUMAN	EIF4G1	Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 1	11	3.254	2.86E-02	194.9996	634.4752	243.7472	80.03666	121.9831	334.2312	609.7787	710.0086	639.1871	578.9262
P09661	RU2A_HUMAN	SNRPA1	U2 small nuclear ribonucleoprotein A	4	3.258	2.86E-02	63.06762	205.4881	94.30772	41.32378	56.93765	59.70135	252.6059	202.1808	209.145	158.0207
P35268	RL22_HUMAN	RPL22	60S ribosomal protein L22	3	3.291	2.86E-02	177.0367	582.5804	75.80107	130.3137	123.9744	378.0575	597.8975	577.3634	581.1933	573.8675
P17844	DDX5_HUMAN	DDX5	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX5	8	3.317	2.86E-02	231.9098	769.1801	401.4418	148.4976	214.03	163.6697	809.3163	864.7827	788.0606	614.5608
O95373	IPO7_HUMAN	IPO7	Importin-7	8	3.323	2.86E-02	107.0541	355.7505	174.1348	34.72376	54.25048	165.1073	385.3352	414.2551	297.29	326.1218
P13010	XRCC5_HUMAN	XRCC5	X-ray repair cross-complementing protein 5	18	3.342	2.86E-02	454.1864	1517.802	365.1659	511.2388	591.6443	348.6965	1442.841	1598.397	1398.104	1631.866
B5ME19	EIF3L_HUMAN	EIF3L	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C-like protein	3	3.370	2.86E-02	17.25666	58.15506	38.85099	0.84288	26.43565	2.897132	51.25034	61.43367	56.4607	63.47553
O14745	NHRF1_HUMAN	SLC9A3R1	Na(+)/H(+) exchange regulatory cofactor NHE-RF1	4	3.371	2.86E-02	82.48268	278.0092	98.6913	108.202	107.9315	15.10595	271.4311	272.8739	219.3942	348.3374
Q6UB35	C11M_HUMAN	MTHFD1L	Monofunctional C1-tetrahydrofolate synthase, mitochondrial	1	3.375	2.86E-02	1.246372	4.207101	2.494832	0	0	2.490658	3.918034	5.346558	4.43824	3.125573
P09110	THIK_HUMAN	ACAA1	3-ketoacyl-CoA thiolase, peroxisomal	5	3.388	2.86E-02	45.28026	153.393	20.88074	85.83609	74.40422	0	178.1493	142.3489	130.2498	162.8241

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P11940	PABP1_HUMAN	PABPC1	Polyadenylate-binding protein 1	8	3.403	2.86E-02	320.9942	1092.19	333.4437	272.2725	278.8868	399.3736	1064.287	1210.226	986.6775	1107.571
Q16430	CP5F6_HUMAN	CP5F6	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 6	3	3.423	2.86E-02	32.38544	110.8615	33.45619	33.41022	37.59362	25.08172	113.2494	120.8919	100.1296	109.1752
Q06830	PRDX1_HUMAN	PRDX1	Peroxiredoxin-1	9	3.442	2.86E-02	2536.016	8728.226	2381.912	2895.668	2645.968	2220.517	10131.65	8591.984	7911.656	8277.611
P00492	HPRT_HUMAN	HPRT1	Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase	5	3.442	2.86E-02	111.4081	383.4998	181.8821	144.7199	52.78233	66.24799	440.6397	443.4735	198.183	451.7029
Q7K2F4	SND1_HUMAN	SND1	Staphylococcal nuclease domain-containing protein 1	18	3.446	2.86E-02	461.4118	1589.801	571.5717	190.4337	313.8733	769.7487	1490.365	1623.574	1510.243	1735.023
Q9UI30	TR112_HUMAN	TRMT112	Multifunctional methyltransferase subunit TRM112-like protein	2	3.490	2.86E-02	33.91228	118.3506	65.87523	28.99712	25.51027	15.2645	96.57993	123.8983	141.6689	111.2555
P28074	PSB5_HUMAN	PSMB5	Proteasome subunit beta type-5	3	3.514	2.86E-02	54.93333	193.0289	75.69574	29.50543	27.65467	86.87747	186.8219	203.5465	202.01	179.7374
O00170	AIP_HUMAN	AIP	AH receptor-interacting protein	2	3.517	2.86E-02	38.37874	134.99	43.70615	40.7346	42.78109	26.29311	155.1319	104.141	135.4868	145.2005
Q9H074	PAIP1_HUMAN	PAIP1	Polyadenylate-binding protein-interacting protein 1	2	3.518	2.86E-02	20.75968	73.03912	0	26.70969	24.01543	32.3136	83.1092	78.22362	67.0268	63.79688
O43592	XPO1_HUMAN	XPO1	Exportin-T	3	3.527	2.86E-02	14.88231	52.49005	11.87861	23.81807	15.41116	8.421386	63.25081	46.24448	47.19145	53.27344
Q08379	GOLGA2_HUMAN	GOLGA2	Golgin subfamily A member 2	2	3.540	2.86E-02	10.47906	37.10034	16.72404	12.74256	0	12.44964	17.39472	41.09638	45.24231	44.66796
P04075	ALDOA_HUMAN	ALDOA	Fructose-bisphosphate aldolase A	14	3.546	2.86E-02	2626.462	9314.163	2847.592	2670.257	2395.02	2592.977	10400.03	9207.476	7717.85	9931.29
Q99627	CSN8_HUMAN	COP8	COP9 signalosome complex subunit 8	2	3.574	2.86E-02	22.3853	80.01314	0	24.68798	25.43909	39.41413	89.78496	81.2496	77.13659	71.88142
P28072	PSB6_HUMAN	PSMB6	Proteasome subunit beta type-6	2	3.586	2.86E-02	83.05108	297.798	109.2249	76.051	60.0875	86.84098	309.1511	292.9702	315.9215	273.1494
P49821	NDUV1_HUMAN	NDUFV1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 1, mitochondrial	2	3.601	2.86E-02	10.10924	36.40594	20.83213	19.60482	0	0	44.96202	34.02266	23.07048	43.5686
P12270	TPR_HUMAN	TPR	Nucleoprotein TPR	6	3.622	2.86E-02	51.98451	188.2789	85.98621	66.46232	9.609729	45.87977	230.7507	268.0647	113.8805	140.4197
Q553J5	HP1B3_HUMAN	HP1BP3	Heterochromatin protein 1-binding protein 3	2	3.639	2.86E-02	18.81007	68.45634	16.57009	0	35.22678	23.44342	94.73217	58.17157	63.78856	57.13305
Q14558	KPRA_HUMAN	PRPSAP1	Phosphoribosyl pyrophosphate synthase-associated protein 1	2	3.672	2.86E-02	10.15472	37.28869	0	25.32338	15.29549	0	37.1041	44.71184	34.6522	32.6866
P60900	PSA6_HUMAN	PSMA6	Proteasome subunit alpha type-6	3	3.672	2.86E-02	129.826	476.7694	132.1556	137.0143	119.1428	130.9912	513.9936	483.4106	448.1778	461.4957
Q04323	UBXN1_HUMAN	UBXN1	UBX domain-containing protein 1	2	3.701	2.86E-02	24.4364	90.44916	48.04921	0	0	49.69639	80.27797	92.09598	77.79509	111.6276
Q9Y224	CN166_HUMAN	C14orf166	UPF0568 protein C14orf166	2	3.717	2.86E-02	14.62471	54.36176	0	28.39638	0	30.10244	31.02439	55.36173	77.36125	53.69965
Q14157	UBP2L_HUMAN	UBAP2L	Ubiquitin-associated protein 2-like	4	3.726	2.86E-02	33.45279	124.6482	54.14247	0	18.42755	61.24114	123.0942	139.6177	120.1943	115.6868
Q08211	DHX9_HUMAN	DHX9	ATP-dependent RNA helicase A	8	3.727	2.86E-02	71.0104	264.6544	60.18711	15.30724	45.30809	163.2392	303.2165	316.2643	230.7823	208.3547
P63220	RS21_HUMAN	RPS21	40S ribosomal protein S21	2	3.732	2.86E-02	19.1206	71.3671	21.79635	18.40335	16.55009	19.73261	53.60474	103.7676	37.81297	90.28307
O14602	EIF1AY_HUMAN	EIF1AY	Eukaryotic translation initiation factor 1A, Y-chromosomal	1	3.771	2.86E-02	13.44903	50.71021	31.1226	0	0	22.67352	56.71413	62.90704	44.14999	39.06967
Q9BUJ2	HNRL1_HUMAN	HNRNPUL1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U-like protein 1	3	3.776	2.86E-02	24.23024	91.50486	18.14202	44.58162	15.82936	18.36796	87.85773	99.08129	86.42779	92.65262
P05198	IF2A_HUMAN	EIF2S1	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1	4	3.786	2.86E-02	68.88495	260.8309	82.90717	31.98925	91.71063	68.93277	270.0701	290.2487	220.4091	262.5955
Q13162	PRDX4_HUMAN	PRDX4	Peroxiredoxin-4	10	3.786	2.86E-02	967.6288	3663.903	1077.963	1091.539	797.5453	903.4673	3737.152	3312.174	3807.954	3798.333
Q9H807	MYG1_HUMAN	C12orf10	UPF0160 protein MYG1, mitochondrial	6	3.789	2.86E-02	59.29764	224.6895	77.30008	54.8034	32.98718	72.09991	235.1218	238.6105	234.9037	190.1221
P61604	CH10_HUMAN	HSPE1	10 kDa heat shock protein, mitochondrial	5	3.823	2.86E-02	687.8777	2630.087	546.578	700.0435	846.7951	658.0941	2524.569	2750.402	2726.314	2519.063
P17174	AATC_HUMAN	GOT1	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic	8	3.928	2.86E-02	186.0746	730.8151	181.0475	138.932	191.0379	233.2811	657.6614	745.2465	715.8046	804.5476
O14579	COPE_HUMAN	COPE	Coatomer subunit epsilon	4	3.961	2.86E-02	46.66562	184.8451	56.6219	31.45783	0	98.58276	195.5242	189.6545	182.4644	171.7374
Q15785	TOM34_HUMAN	TOMM34	Mitochondrial import receptor subunit TOM34	6	4.025	2.86E-02	45.28679	182.259	99.38813	0	31.26721	50.49183	181.219	173.4242	171.332	203.0608

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q98Z5	API5_HUMAN	API5	Apoptosis inhibitor 5	4	4.089	2.86E-02	22.80233	93.24897	42.9769	0	28.53556	19.69685	145.4292	116.5937	54.57741	56.39563
Q7L2H7	EIF3M_HUMAN	EIF3M	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M	5	4.103	2.86E-02	49.15006	283.7017	94.22669	45.58432	40.89721	55.89202	292.9187	342.7908	201.948	297.1494
Q15645	PCH2_HUMAN	TRIP13	Pachytene checkpoint protein 2 homolog	4	4.173	2.86E-02	34.26451	142.9801	35.35223	34.79654	39.06177	27.84749	136.4259	198.084	136.2692	101.1414
Q9UQ80	PA2G4_HUMAN	PA2G4	Proliferation-associated protein 2G4	8	4.179	2.86E-02	331.3573	1384.734	310.8022	346.0003	340.8785	327.7483	1523.16	1305.159	1258.798	1451.819
P08559	ODPA_HUMAN	PDHA1	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, somatic form, mitochondrial	4	4.216	2.86E-02	140.8105	593.6369	89.43798	204.8398	197.5867	71.37745	560.4656	548.0468	467.3903	798.6449
P53004	BIEA_HUMAN	BLVRA	Biliverdin reductase A	3	4.241	2.86E-02	43.21047	183.2483	91.69054	57.31263	0	23.8387	119.6073	180.1639	212.4529	220.769
Q9Y3F4	STRAP_HUMAN	STRAP	Serine-threonine kinase receptor-associated protein	6	4.270	2.86E-02	61.9913	264.6847	108.1472	81.83887	0	57.97913	227.5122	313.8475	233.9973	283.3819
P35270	SPRE_HUMAN	SPR	Sepiapterin reductase	2	4.270	2.86E-02	12.57744	53.71119	0	24.44307	15.84716	10.01955	59.10827	59.18351	44.08801	52.46498
P61353	RL27_HUMAN	RPL27	60S ribosomal protein L27	2	4.279	2.86E-02	28.4395	121.6863	0	38.33165	19.10379	56.32258	91.58304	132.7306	123.3705	139.061
P13674	P4HA1_HUMAN	P4HA1	Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-1	5	4.323	2.86E-02	42.10358	182.0302	31.64928	70.39791	48.05754	18.30958	187.855	135.344	200.0345	204.8874
P22061	PIMT_HUMAN	PCMT1	Protein-L-isoaspartate(D-aspartate) O-methyltransferase	3	4.334	2.86E-02	56.14973	243.3346	48.49486	134.5882	0	41.51583	245.0062	201.67	262.9167	263.7456
Q9Y383	LC7L2_HUMAN	LUC7L2	Putative RNA-binding protein Luc7-like 2	4	4.339	2.86E-02	26.13739	113.4133	28.50299	29.57475	25.58146	20.89036	121.9617	130.8659	89.15602	111.6696
Q01105	SET_HUMAN	SET	Protein SET	4	4.376	2.86E-02	76.19235	333.4	125.5032	112.5689	40.23629	26.46096	281.2759	440.1233	233.9353	378.2654
P24539	ATSF1_HUMAN	ATP5F1	ATP synthase F(0) complex subunit B1, mitochondrial	3	4.391	2.86E-02	17.62742	77.40418	12.19461	13.35485	17.60894	27.35126	81.30913	89.07983	86.1928	53.03496
Q15369	ELOC_HUMAN	TCEB1	Transcription elongation factor B polypeptide 1	2	4.397	2.86E-02	31.62775	139.0576	52.91895	16.52027	32.12141	24.95036	141.1942	116.4512	139.1434	159.4415
P11172	UMPS_HUMAN	UMPS	Uridine 5-monophosphate synthase	4	4.441	2.86E-02	32.26422	143.2707	60.19521	19.55861	23.00996	26.29311	149.5787	189.2418	99.09151	135.1709
P24666	PPAC_HUMAN	ACP1	Low molecular weight phosphotyrosine protein phosphatase	6	4.468	2.86E-02	125.8711	562.413	123.7693	132.2892	119.7479	127.6781	649.7638	583.3564	492.9475	523.5843
Q14444	CAPR1_HUMAN	CAPRIN1	Caprin-1	4	4.520	2.86E-02	35.49637	160.4307	79.32657	27.62004	4.110829	30.92804	123.5065	148.9167	187.252	182.0477
P23919	KTHY_HUMAN	DTYMK	Thymidylate kinase	2	4.593	2.86E-02	31.99258	146.9563	30.01253	71.45305	0	26.50474	156.7213	158.4416	141.6689	130.9933
P18754	RCC1_HUMAN	RCC1	Regulator of chromosome condensation	4	4.630	2.86E-02	40.00875	185.2462	36.7459	35.77967	43.91379	43.59563	236.7907	242.1965	158.5728	103.4247
Q99436	PSB7_HUMAN	PSMB7	Proteasome subunit beta type-7	3	4.758	2.86E-02	30.63024	145.7464	38.26111	53.99702	20.00247	10.26037	125.1208	119.7228	177.026	161.1159
P10644	KAP0_HUMAN	PRKAR1A	cAMP-dependent protein kinase type I-alpha regulatory subunit	2	4.781	2.86E-02	11.24486	53.75991	27.48447	5.5418	4.465855	7.487298	41.52977	57.5821	63.87378	52.05399
Q9NX63	MIC19_HUMAN	CHCHD3	MICOS complex subunit MIC19	1	4.783	2.86E-02	8.908473	42.60748	10.57407	0	0	25.05983	41.85263	44.74132	43.51474	40.32125
Q96P70	IPO9_HUMAN	IPO9	Importin-9	2	4.805	2.86E-02	3.690242	17.73131	8.402535	0	3.250402	3.108031	21.31673	21.29585	10.15628	18.1564
Q32P28	P3H1_HUMAN	LEPRE1	Prolyl 3-hydroxylase 1	1	4.832	2.86E-02	5.019931	24.25654	10.32288	0	0	9.75684	25.82882	19.70819	25.05371	26.43545
O00116	ADAS_HUMAN	AGPS	Alkyl(dihydroxyacetone)phosphate synthase, peroxisomal	4	4.858	2.86E-02	13.39786	65.08524	0	18.55353	29.76614	5.271758	60.50898	86.34858	48.08313	65.40026
Q7L1Q6	BZW1_HUMAN	BZW1	Basic leucine zipper and W2 domain-containing protein 1	5	4.887	2.86E-02	68.74355	335.9625	104.6225	18.93477	63.61997	87.79696	318.0621	469.774	325.8918	230.122
Q9NX24	NHP2_HUMAN	NHP2	H/ACA ribonucleoprotein complex subunit 2	1	4.901	2.86E-02	6.465639	31.68867	0	0	0	25.86256	33.36885	28.22613	31.09634	34.06334
O75569	PRKRA_HUMAN	PRKRA	Interferon-inducible double-stranded RNA-dependent protein kinase activator A	2	4.907	2.86E-02	3.551055	17.42673	8.378227	5.825994	0	0	20.89055	19.61289	9.885135	19.31834
P37108	SRP14_HUMAN	SRP14	Signal recognition particle 14 kDa protein	2	4.991	2.86E-02	61.65295	307.7076	81.5135	52.5876	58.08548	54.42521	345.4108	88.09736	345.4839	451.8382
Q15029	US1_HUMAN	EFTUD2	116 kDa U5 small nuclear ribonucleoprotein component	9	5.037	2.86E-02	49.33055	248.4567	66.83945	44.11259	49.30147	37.06869	227.4327	294.0037	260.856	211.5343
Q09028	RBBP4_HUMAN	RBBP4	Histone-binding protein RBBP4	7	5.059	2.86E-02	206.2659	1043.423	358.708	145.7365	210.0171	110.6018	1063.889	1054.309	987.3205	1068.175
O43175	SERA_HUMAN	PHGDH	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	15	5.070	2.86E-02	857.1914	4345.92	683.101	1208.799	1017.893	518.9734	4948.494	4259.739	3861.834	4313.613

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P28070	PSB4_HUMAN	PSMB4	Proteasome subunit beta type-4	3	5.096	2.86E-02	28.12727	143.3481	45.6508	39.24431	0	27.61397	90.71877	189.8706	103.0192	189.7839
P30046	DOPD_HUMAN	DDT	D-dopachrome decarboxylase	4	5.119	2.86E-02	147.8778	756.9998	132.3987	175.1253	158.2224	125.7647	797.5543	771.3014	714.232	744.9114
P35437	FUS_HUMAN	FUS	RNA-binding protein FUS	4	5.216	2.86E-02	79.35651	413.9186	53.9318	107.8901	96.72015	58.88402	384.77	466.1585	387.0387	417.7072
Q15459	SF3A1_HUMAN	SF3A1	Splicing factor 3A subunit 1	6	5.232	2.86E-02	42.69218	328.0027	147.6723	60.69755	0	42.39883	330.9666	297.9905	320.5852	362.4684
Q13057	COASY_HUMAN	COASY	Bifunctional coenzyme A synthase	3	5.260	2.86E-02	28.87317	151.8696	18.99281	21.07201	42.08063	13.34724	161.301	146.3279	148.3235	151.526
Q8WXX5	DNJC9_HUMAN	DNJC9	DnaJ homolog subfamily C member 9	3	5.336	2.86E-02	21.81053	116.3866	87.24213	0	0	0	101.8947	125.4997	119.9618	118.19
Q71D13	H32_HUMAN	HIST2H3A	Histone H3.2	3	5.387	2.86E-02	23.31209	125.5845	25.42638	10.78304	25.05402	31.98492	47.91674	114.8944	228.1105	111.4165
Q92820	GGH_HUMAN	GGH	Gamma-glutamyl hydrolase	4	5.470	2.86E-02	25.81902	141.2277	23.20623	21.56877	35.92971	22.57136	128.5676	103.3746	166.016	166.9526
P11310	ACADM_HUMAN	ACADM	Medium-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	4	5.510	2.86E-02	23.16851	127.6658	9.261425	40.15696	43.25565	0	132.482	102.1269	152.3674	123.6868
P06845	HEXA_HUMAN	HEXA	Beta-hexosaminidase subunit alpha	3	5.549	2.86E-02	19.98862	110.9114	21.01039	28.13067	30.81342	0	135.1096	106.8074	79.19884	122.5299
Q9NRG7	D39U1_HUMAN	SDR39U1	Epimerase family protein SDR39U1	1	5.704	2.86E-02	0.900416	5.135583	3.601665	0	0	0	5.580019	4.384728	5.483306	5.094279
P4915	GUAA_HUMAN	GMP5	GMP synthase [glutamine-hydrolyzing]	12	5.734	2.86E-02	116.7846	669.6182	155.3051	107.0375	119.5699	85.22603	731.5219	550.0903	634.1283	762.7324
Q05639	EF1A2_HUMAN	EF1A2	Elongation factor 1-alpha 2	12	5.754	2.86E-02	1320.111	7595.555	967.3449	687.6938	912.9154	2712.489	7972.615	9234.201	6507.409	6667.997
P21291	CSRP1_HUMAN	CSRP1	Cysteine and glycine-rich protein 1	6	5.781	2.86E-02	226.178	1307.469	233.9907	184.4378	162.1375	324.146	1085.556	1198.515	1146.621	1799.185
O15371	EIF3D_HUMAN	EIF3D	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit D	2	5.804	2.86E-02	10.74634	62.37471	19.2683	0	0	23.71707	73.36379	72.06358	54.32951	49.74195
P49756	RBM25_HUMAN	RBM25	RNA-binding protein 25	2	5.822	2.86E-02	8.450704	49.19946	9.698972	0	0	24.10385	46.20379	53.16102	60.88345	36.54959
Q9G253	WDR61_HUMAN	WDR61	WD repeat-containing protein 61	4	5.841	2.86E-02	26.24058	153.2739	22.27036	25.61797	7.508936	49.56504	135.1145	146.6816	176.7781	154.5214
Q15024	EXOSC7_HUMAN	EXOSC7	Exosome complex component RRP42	1	5.857	2.86E-02	5.769146	33.78831	23.07659	0	0	0	24.17975	36.88162	29.13636	44.95549
Q9HCN8	SDF2L_HUMAN	SDF2L1	Stromal cell-derived factor 2-like protein 1	1	5.873	2.86E-02	5.022547	29.49986	0	0	0	20.09019	27.24941	28.4128	28.95043	33.38681
P61289	PSME3_HUMAN	PSME3	Proteasome activator complex subunit 3	4	5.896	2.86E-02	39.80228	234.6746	115.7638	0	20.38508	23.06029	217.5383	268.6247	219.3013	233.2341
P78347	GTF2L_HUMAN	GTF2L	General transcription factor II-I	6	5.963	2.86E-02	36.42175	217.1715	40.66762	36.41391	30.41005	38.19544	200.2807	223.9424	223.136	221.3271
O15511	ARPC5_HUMAN	ARPC5	Actin-related protein 2/3 complex subunit 5	2	6.233	2.86E-02	16.12761	100.5202	0	0	0	64.51044	116.3787	110.1143	84.82934	90.75833
Q9NRV9	HEBP1_HUMAN	HEBP1	Heme-binding protein 1	2	6.366	2.86E-02	4.235685	26.96535	3.423	9.760822	3.758917	0	31.74958	23.00926	16.85741	36.24515
P04040	CATA_HUMAN	CAT	Catalase	3	6.494	2.86E-02	29.87382	194.0034	48.6083	70.88698	0	0	204.1768	147.5461	209.8809	214.4096
P51610	HCF1_HUMAN	HCF1	Host cell factor 1	2	6.536	2.86E-02	4.087829	26.71928	16.35132	0	0	0	26.11691	31.34054	17.77155	31.64812
P00568	KAD1_HUMAN	AK1	Adenylate kinase isoenzyme 1	5	6.574	2.86E-02	34.81103	228.8519	23.84635	88.48164	26.91614	0	263.9974	203.7397	243.4021	204.2684
Q08J23	NSUN2_HUMAN	NSUN2	IRNA [cytosine(34)-C(5)]-methyltransferase	8	6.634	2.86E-02	61.53907	408.2385	65.68076	57.78629	58.48588	64.20336	479.3432	398.2979	402.0756	353.2372
Q96AY3	FKBP10_HUMAN	FKBP10	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP10	2	6.654	2.86E-02	21.92137	145.8554	57.05945	30.62604	0	0	168.1655	118.0526	145.0853	152.118
Q9Y220	SGT1_HUMAN	SUGT1	Protein SGT1 homolog	2	6.731	2.86E-02	15.61936	105.1347	34.56626	27.91117	0	0	121.1074	118.6225	120.8682	59.94065
Q13596	SNX1_HUMAN	SNX1	Sorting nexin-1	5	6.903	2.86E-02	19.4191	134.0521	25.45069	26.22448	0	26.00121	154.1186	163.5406	160.8581	57.69119
P80723	BASP1_HUMAN	BASP1	Brain acid soluble protein 1	3	7.111	2.86E-02	41.10699	292.2969	0	75.08058	53.97465	35.37274	246.3176	180.1933	258.2298	484.447
P08243	ASNS_HUMAN	ASNS	Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing]	3	7.133	2.86E-02	7.623827	54.38211	15.63017	0	0	14.86513	69.42986	79.59907	17.14405	51.35547
O14974	MYPT1_HUMAN	PPP1R12A	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	3	7.320	2.86E-02	12.3717	90.55675	14.74698	0	25.94627	8.793562	80.68527	92.39269	126.2756	62.87341

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P02786	TFR1_HUMAN	TFR3	Transferrin receptor protein 1	12	7.482	2.86E-02	110.8401	829.2936	106.3241	105.9284	46.01993	185.0881	752.1949	1165.701	727.1617	672.1167
P62891	RL39_HUMAN	RPL39	40S ribosomal protein L39	1	7.534	2.86E-02	10.76025	81.0649	0	0	43.04102	78.27126	87.85175	81.26573	76.87084	
P46459	NSF_HUMAN	NSF	Vesicle-fusing ATPase	2	7.660	2.86E-02	4.751022	36.39348	0	19.00409	0	46.96872	24.48295	23.45008	50.67218	
O43396	TXNL1_HUMAN	TXNL1	Thioredoxin-like protein 1	1	7.663	2.86E-02	5.6314	43.15351	22.5256	0	0	33.51786	46.38203	52.20684	40.5073	
P31689	DNJA1_HUMAN	DNJA1	DnaJ homolog subfamily A member 1	4	7.704	2.86E-02	33.51107	258.1819	65.94005	0	27.32544	40.77877	258.5167	307.7759	230.4104	236.0248
P35659	DEK_HUMAN	DEK	Protein DEK	2	7.724	2.86E-02	12.17767	94.05594	0	22.44677	0	26.26392	93.79836	104.5241	86.60339	91.29787
Q12849	GRSF1_HUMAN	GRSF1	G-rich sequence factor 1	1	7.744	2.86E-02	9.527029	73.77968	25.83152	12.2766	0	0	78.22159	79.34363	71.84541	65.70808
Q8TD0	CHD5_HUMAN	CHD5	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 5	1	7.800	2.86E-02	3.913317	30.52199	0	0	0	15.65327	36.95508	32.44089	28.53984	24.15216
Q12874	SF3A3_HUMAN	SF3A3	Splicing factor 3A subunit 3	3	8.101	2.86E-02	19.91445	161.3341	43.62512	36.03267	0	0	184.1992	180.38	161.5863	119.1709
Q27J81	INF2_HUMAN	INF2	Inverted formin-2	2	8.359	2.86E-02	7.44966	62.27064	11.8462	3.310986	4.716776	9.924684	70.39546	43.15955	61.74336	73.78417
P48163	MAOX_HUMAN	ME1	NADP-dependent malic enzyme	4	8.707	2.86E-02	10.15316	88.39943	20.7349	12.9274	4.399121	2.551227	79.24283	64.0801	111.7888	98.48601
P49005	DPD2_HUMAN	POLD2	DNA polymerase delta subunit 2	1	9.017	2.86E-02	2.963575	26.72328	11.8543	0	0	0	23.9314	24.71874	17.63985	40.60314
Q9H4A6	GOLP3_HUMAN	GOLPH3	Golgi phosphoprotein 3	2	9.152	2.86E-02	5.487502	50.22361	0	21.95001	0	0	44.01927	53.77997	52.4315	50.66372
O15067	PUR4_HUMAN	PFAS	Phosphoribosylformylglycinamide synthase	12	9.272	2.86E-02	41.73062	386.9235	59.07703	0	65.05253	42.7929	388.5201	437.3429	364.9947	356.8363
Q9BS07	NTPCR_HUMAN	NTPCR	Cancer-related nucleoside-triphosphatase	1	9.462	2.86E-02	1.44148	13.63913	0	5.765921	0	0	15.64631	13.26324	14.38613	11.26086
P20810	ICAL_HUMAN	CAST	Calpastatin	3	9.470	2.86E-02	33.4915	317.153	20.71059	34.05717	50.94936	28.24886	193.2195	266.3356	355.3923	458.6648
P42765	THIM_HUMAN	ACAA2	3-ketoacyl-CoA thiolase, mitochondrial	4	9.476	2.86E-02	26.6138	252.1986	0	63.57416	23.09004	19.79099	312.8466	232.1558	195.7505	268.0416
P53999	TCP4_HUMAN	SUB1	Activated RNA polymerase II transcriptional coactivator p15	4	9.545	2.86E-02	106.7213	1018.604	141.0605	98.71728	102.2368	84.87064	952.3087	1060.145	1071.367	990.5937
Q9Y4P3	TBL2_HUMAN	TBL2	Transducin beta-like protein 2	2	9.563	2.86E-02	4.965027	47.48177	0	0	19.86011	0	54.18092	52.54207	40.51666	42.68742
O75694	NU155_HUMAN	NUP155	Nuclear pore complex protein Nup155	6	9.980	2.86E-02	13.47319	134.456	0	14.51011	25.26113	14.12151	149.6611	112.1539	132.1091	143.8998
P39748	FEN1_HUMAN	FEN1	Flap endonuclease 1	3	10.052	2.86E-02	29.65741	298.131	61.91299	0	0	56.71665	355.7622	269.9805	288.2028	278.5786
P78330	SERB_HUMAN	PSPH	Phosphoserine phosphatase	1	10.121	2.86E-02	8.234141	83.33519	0	32.93657	0	0	93.94737	86.84964	74.92871	77.61503
Q14126	DSG2_HUMAN	DSG2	Desmoglein-2	3	10.311	2.86E-02	12.73142	131.2762	50.92568	0	0	0	134.141	137.6822	125.6946	127.587
P16070	CD44_HUMAN	CD44	CD44 antigen	2	11.360	2.86E-02	14.81867	168.3434	24.42974	10.24488	0	24.60008	171.7418	174.7603	169.984	156.8876
P54886	P5CS_HUMAN	ALDH18A1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase	8	11.705	2.86E-02	45.7182	535.1187	39.33877	0	65.27498	78.25905	665.6187	454.8799	543.9691	476.0073
P12004	PCNA_HUMAN	PCNA	Proliferating cell nuclear antigen	5	11.763	2.86E-02	78.60952	924.65	263.2092	0	0	51.22888	909.5222	954.9039	720.4683	1113.705
Q9Y5Y2	NUBP2_HUMAN	NUBP2	Cytosolic Fe-S cluster assembly factor NUBP2	2	11.771	2.86E-02	1.87557	22.07807	0	7.502282	0	0	18.49442	10.65971	20.10339	39.05276
Q9Y5L0	TNPO3_HUMAN	TNPO3	Transportin-3	2	11.830	2.86E-02	1.979295	23.41439	7.917181	0	0	0	25.29238	14.42254	28.05178	25.89084
Q14657	LAGE3_HUMAN	LAGE3	EKC/KEOPS complex subunit LAGE3	1	12.064	2.86E-02	0.376327	4.539903	0	1.505308	0	0	3.905119	5.268943	6.042638	2.94291
Q9BVP2	GNL3_HUMAN	GNL3	Guanine nucleotide-binding protein-like 3	3	12.526	2.86E-02	5.570084	69.77167	0	0	22.28034	0	43.58713	88.45596	70.88479	76.15879
P49748	ACADV_HUMAN	ACADVL	Very long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	12	12.791	2.86E-02	64.63053	826.7166	0	103.4423	136.0916	18.98825	964.1502	785.9057	727.2818	829.5286
P09874	PARP1_HUMAN	PARP1	Poly [ADP-ribose] polymerase 1	10	12.858	2.86E-02	34.54101	444.1423	65.71317	5.45631	13.64937	53.34517	584.2778	474.6175	360.8849	356.7889
Q7L014	DDX46_HUMAN	DDX46	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX46	1	12.879	2.86E-02	1.820194	23.44265	0	0	0	7.280777	26.12685	23.62821	22.90779	21.10777

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q15293	RCN1_HUMAN	RCN1	Reticulocalbin-1	2	12.901	2.86E-02	5.525594	71.28482	0	0	22.10238	0	64.30383	41.72516	96.9456	82.1647
Q15165	PN2_HUMAN	PN2	Serum paraoxonase/arylesterase 2	4	12.926	2.86E-02	19.34131	250.0029	0	31.60801	24.38024	21.37699	282.4779	156.908	304.9595	255.6662
Q9424	FUBP3_HUMAN	FUBP3	Far upstream element-binding protein 3	3	12.947	2.86E-02	7.100775	91.93633	0.769193	27.63391	0	0	54.73425	113.1413	109.333	90.53677
Q16531	DDB1_HUMAN	DDB1	DNA damage-binding protein 1	11	13.031	2.86E-02	39.73407	517.7556	0	19.68569	81.05985	58.19076	581.6949	552.3401	499.6099	437.3773
Q9P059	TM14C_HUMAN	TMEM14C	Transmembrane protein 14C	1	13.317	2.86E-02	0.673793	8.973195	0	0	2.695173	0	8.426156	11.12147	10.55912	5.786032
Q9BY44	EIF2A_HUMAN	EIF2A	Eukaryotic translation initiation factor 2A	2	13.332	2.86E-02	5.398371	71.97107	0	0	0	21.59348	91.14594	94.98442	74.828	26.92594
P62263	RS14_HUMAN	RPS14	40S ribosomal protein S14	3	14.711	2.86E-02	34.17271	502.7068	26.33388	22.46988	20.91006	66.97702	464.6473	545.6004	388.7585	611.8209
Q92734	TFG_HUMAN	TFG	Protein TFG	2	15.174	2.86E-02	13.14965	199.5311	10.74422	0	9.956747	31.89764	202.3589	214.7858	144.0472	236.9325
O00469	PLOD2_HUMAN	PLOD2	Procollagen-lysine-2-oxoglutarate 5-dioxygenase 2	9	15.233	2.86E-02	32.01605	487.711	87.65537	0	10.5618	29.84703	387.8297	526.2263	528.4596	508.3285
Q15427	SF3B4_HUMAN	SF3B4	Splicing factor 3B subunit 4	2	15.297	2.86E-02	3.896898	59.61094	0	0	0	15.58759	57.53867	66.07057	54.92603	59.90852
Q8NE71	ABCF1_HUMAN	ABCF1	ATP-binding cassette sub-family F member 1	2	16.944	2.86E-02	4.227112	71.62245	0	0	0	16.90845	87.02326	74.60779	66.65494	58.3508
P06493	CDK1_HUMAN	CDK1	Cyclin-dependent kinase 1	5	18.787	2.86E-02	14.19661	266.7052	55.09049	0	0	1.695953	218.2933	299.8769	250.6455	298.0052
Q9NR30	DDX21_HUMAN	DDX21	Nucleolar RNA helicase 2	3	20.228	2.86E-02	4.212517	85.20894	0	0	0	16.85007	111.4812	116.3923	37.5883	75.37402
P00966	ASSY_HUMAN	ASS1	Argininosuccinate synthase	5	20.273	2.86E-02	17.39844	352.7112	0	29.71338	39.88038	0	371.4284	372.304	333.3289	333.7835
Q9BUP3	HTA2_HUMAN	HTATIP2	Oxidoreductase HTATIP2	2	21.698	2.86E-02	3.797929	82.40731	0	15.19172	0	0	79.92034	80.08047	81.27348	88.35496
O75955	FLOT1_HUMAN	FLOT1	Flotillin-1	3	22.478	2.86E-02	3.312718	74.46238	0	13.25087	0	0	86.57622	82.34014	49.6116	79.32157
P41091	IF2G_HUMAN	EIF2S3	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3	2	22.962	2.86E-02	8.200635	188.3019	0	0	0	32.80254	222.704	212.5655	167.5283	150.4098
O75832	PSD10_HUMAN	PSMD10	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 10	2	23.947	2.86E-02	2.371707	56.79624	0	0	0	9.48683	63.072	57.44455	53.12098	53.54743
O75475	PSIP1_HUMAN	PSIP1	PC4 and SFRS1-interacting protein	2	24.040	2.86E-02	4.768956	114.6463	0	0	0	19.07583	158.6486	111.1852	86.3245	102.4268
O43491	E41L2_HUMAN	EPB41L2	Band 4.1-like protein 2	1	24.154	2.86E-02	0.456827	11.03399	0	0	0	1.827309	11.66271	10.86603	8.266018	13.34119
A6NDG6	PGP_HUMAN	PGP	Phosphoglycolate phosphatase	3	25.650	2.86E-02	3.376947	86.61948	0	0	0	13.50779	97.9111	86.4763	79.84803	82.2425
Q53E6	PDCD4_HUMAN	PDCD4	Programmed cell death protein 4	8	25.881	2.86E-02	32.47526	840.4763	40.41644	20.20556	69.27903	0	943.2586	654.5555	848.1694	915.9216
Q9NQ39	RS10L_HUMAN	RPS10P5	Putative 40S ribosomal protein S10-like	3	25.897	2.86E-02	8.589166	222.4362	16.5944	0	0	17.76226	193.0744	256.0591	175.895	264.7165
P52888	THOP1_HUMAN	THOP1	Thimet oligopeptidase	2	26.332	2.86E-02	2.070683	54.5243	0	0	0	8.282732	56.16775	27.0963	66.55423	68.2789
P55809	SCOT1_HUMAN	OXCT1	Succinyl-CoA:3-ketoacid coenzyme A transferase 1, mitochondrial	5	27.493	2.86E-02	21.15975	581.7556	24.98316	19.28135	27.57458	12.79992	621.8441	495.432	602.1876	607.5587
Q9UNF1	MAGD2_HUMAN	MAGED2	Melanoma-associated antigen D2	2	29.410	2.86E-02	1.087101	31.97145	1.811771	0	0	2.536632	52.68086	32.64819	22.95428	19.60249
P23588	IF4B_HUMAN	EIF4B	Eukaryotic translation initiation factor 4B	3	31.720	2.86E-02	4.672863	148.2245	5.359148	0.753001	3.544922	9.034381	143.19	56.67528	216.5139	176.5188
Q14980	NUMA1_HUMAN	NUMA1	Nuclear mitotic apparatus protein 1	14	35.132	2.86E-02	16.35041	574.4202	54.22349	0	11.17813	0	636.4718	494.8759	633.8185	532.5145
P12277	KCRB_HUMAN	CKB	Creatine kinase B-type	11	36.488	2.86E-02	81.21037	2963.23	0	191.3463	133.4952	0	3034.589	2653.247	3169.286	2995.798
P23921	RIR1_HUMAN	RRM1	Ribonucleoside-diphosphate reductase large subunit	8	44.141	2.86E-02	6.571493	290.0706	20.87264	0	0	5.413331	314.9129	314.4173	230.2555	300.6966
O00625	PIR_HUMAN	PIR	Pirin	6	45.688	2.86E-02	7.470945	341.3313	0	10.96923	12.40367	6.510884	315.0302	370.2703	315.6062	364.4185
Q9UBR2	CATZ_HUMAN	CTSZ	Cathepsin Z	2	45.803	2.86E-02	5.807035	265.9785	0	0	0	23.22814	292.4518	205.6784	295.4927	270.2911
Q02809	PLOD1_HUMAN	PLOD1	Procollagen-lysine-2-oxoglutarate 5-dioxygenase 1	7	48.153	2.86E-02	8.609155	414.5585	34.43662	0	0	0	513.8247	341.268	504.9941	298.1472

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9UBB4	ATX10_HUMAN	ATXN10	Ataxin-10	8	87.784	2.86E-02	4.246951	372.8152	10.42822	6.559587	0	0	370.3535	381.8437	359.5059	379.5576
P58107	EPIPL_HUMAN	EPPK1	Epiplakin	21	103.574	2.86E-02	10.21885	1058.409	10.62268	14.16353	14.49468	1.594517	1470.468	1354.375	884.0921	524.7006
Q14566	MCM6_HUMAN	MCM6	DNA replication licensing factor MCM6	13	116.438	2.86E-02	5.297162	616.7918	21.18865	0	0	0	487.7972	673.404	604.7789	701.1872
P52292	IMA1_HUMAN	KPNA2	Importin subunit alpha-1	9	124.093	2.86E-02	4.128343	512.2979	16.51337	0	0	0	573.3303	655.0762	401.8431	418.9419
P33991	MCM4_HUMAN	MCM4	DNA replication licensing factor MCM4	9	146.040	2.86E-02	3.322121	485.1639	13.28848	0	0	0	485.8203	521.7561	455.6175	477.4618
P33993	MCM7_HUMAN	MCM7	DNA replication licensing factor MCM7	13	217.989	2.86E-02	3.500381	763.0445	14.00152	0	0	0	776.9608	899.5618	619.0062	756.6492
P09104	ENOG_HUMAN	ENO2	Gamma-enolase	3	322.064	2.86E-02	2.453103	790.0561	9.812411	0	0	0	763.798	760.5533	866.522	769.3511
Q08380	LG3BP_HUMAN	LGALS3BP	Galectin-3-binding protein	7	only in HCKIT	2.86E-02	807.8235	0	292.895	1337.305	1324.421	276.6724	1	0	0	0
P00918	CAH2_HUMAN	CA2	Carbonic anhydrase 2	6	only in HCKIT	2.86E-02	909.8257	0	349.3737	1577.64	1211.662	500.6273	1	0	0	0
P36969	GPX4_HUMAN	GPX4	Phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase, mitochondrial	2	only in HCKIT	2.86E-02	69.96981	0	23.65188	111.7486	108.1806	36.29807	1	0	0	0
P12035	K2C3_HUMAN	KRT3	Keratin, type II cytoskeletal 3	2	only in HCKIT	2.86E-02	400.6084	0	140.6618	110.6592	197.601	1153.512	1	0	0	0
Q9UMD9	COH1_HUMAN	COL17A1	Collagen alpha-1 (XVII) chain	1	only in HCKIT	2.86E-02	94.12803	0	180.1238	40.87323	37.51354	118.0016	1	0	0	0
O95168	NDUB4_HUMAN	NDUB4	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 4	2	only in HCKIT	1.14E-01	41.53999	0	60.49501	57.84405	0	47.82092	1	0	0	0
Q96AZ6	ISG20_HUMAN	ISG20	Interferon-stimulated gene 20 kDa protein	2	only in HCKIT	1.14E-01	80.97519	0	100.5063	107.2235	116.171	0	1	0	0	0
P19105	MLI2A_HUMAN	MYL12A	Myosin regulatory light chain 12A	2	only in HCKIT	1.14E-01	387.5786	0	506.4209	0	482.7109	561.1825	1	0	0	0
Q9P1F3	ABRAL_HUMAN	ABRACL	Costars family protein ABRACL	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.86037	0	0	20.72543	19.24615	19.46989	1	0	0	0
Q9H2P0	ADNP_HUMAN	ADNP	Activity-dependent neuroprotector homeobox protein	1	only in HCKIT	1.14E-01	2.72783	0	0	2.928593	5.371661	2.611067	1	0	0	0
Q04828	AK1C1_HUMAN	AKR1C1	Aldo-keto reductase family 1 member C1	1	only in HCKIT	1.14E-01	39.77447	0	0	58.5141	52.10609	48.4777	1	0	0	0
Q02338	BDH_HUMAN	BDH1	D-beta-hydroxybutyrate dehydrogenase, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	18.30901	0	0	30.40654	25.64374	17.18576	1	0	0	0
O14967	CLGN_HUMAN	CLGN	Calmequin	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.94573	0	0	25.28872	21.86213	12.63208	1	0	0	0
Q6P2I3	FAHD2_HUMAN	FAHD2B	Fumarylacetoacetate hydrolase domain-containing protein 2B	1	only in HCKIT	1.14E-01	7.01973	0	0	13.43572	9.262711	5.380492	1	0	0	0
O94808	GFPT2_HUMAN	GFPT2	Glutamine-fructose-6-phosphate aminotransferase (isomerizing) 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	36.40027	0	0	62.23405	71.45012	11.91692	1	0	0	0
Q53159	H1BP3_HUMAN	HS1BP3	HCLS1-binding protein 3	1	only in HCKIT	1.14E-01	3.780539	0	0	5.174426	5.16345	4.784281	1	0	0	0
P69905	HBA_HUMAN	HBA1	Hemoglobin subunit alpha	1	only in HCKIT	1.14E-01	61.60245	0	0	155.8451	71.50351	19.06123	1	0	0	0
Q15599	NHRF2_HUMAN	SLC9A3R2	Na(+)/H(+) exchange regulatory cofactor NHE-RF2	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.824609	0	0	8.380282	8.942387	9.975767	1	0	0	0
Q9BZQ8	NIBAN_HUMAN	FAM129A	Protein Niban	1	only in HCKIT	1.14E-01	25.75641	0	0	33.20228	36.72162	33.10174	1	0	0	0
Q460N5	PAR14_HUMAN	PARP14	Poly [ADP-ribose] polymerase 14	1	only in HCKIT	1.14E-01	3.252974	0	0	3.701465	4.411578	4.898853	1	0	0	0
P35558	PCKGC_HUMAN	PCK1	Phosphoenolpyruvate carboxykinase, cytosolic [GTP	1	only in HCKIT	1.14E-01	27.83284	0	0	46.29141	46.64278	18.39715	1	0	0	0
O60437	PEPL_HUMAN	PPL	Periplakin	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.71773	0	0	27.34509	32.04133	19.48449	1	0	0	0
Q08209	PP2BA_HUMAN	PPP3CA	Serine/threonine-protein phosphatase 2B catalytic subunit alpha isoform	1	only in HCKIT	1.14E-01	33.35214	0	0	45.69068	43.78655	43.93132	1	0	0	0
Q9Y512	SAM50_HUMAN	SAMM50	Sorting and assembly machinery component 50 homolog	1	only in HCKIT	1.14E-01	18.69407	0	0	32.98278	18.09832	23.69518	1	0	0	0
Q9Y3Z3	SAMH1_HUMAN	SAMHD1	Deoxynucleoside triphosphate triphosphohydrolase SAMHD1	1	only in HCKIT	1.14E-01	16.01063	0	0	16.46251	15.58022	31.99981	1	0	0	0
Q92599	SEPT8_HUMAN	SEPT8	Septin-8	1	only in HCKIT	1.14E-01	32.95501	0	0	57.16244	47.53257	27.12504	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O43615	TIM44_HUMAN	TIMM44	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM44	1	only in HCKIT	1.14E-01	16.70131	0	0	23.33633	23.07225	20.39668	1	0	0	0
Q9Y6W5	WASF2_HUMAN	WASF2	Wiskott-Aldrich syndrome protein family member 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	13.25472	0	0	18.13764	19.38852	15.49272	1	0	0	0
Q9PUPY6	WASF3_HUMAN	WASF3	Wiskott-Aldrich syndrome protein family member 3	1	only in HCKIT	1.14E-01	7.306643	0	0	8.029082	8.915693	12.2818	1	0	0	0
Q96CB8	INTS12_HUMAN	INTS12	Integrator complex subunit 12	1	only in HCKIT	1.14E-01	1.824398	0	2.030545	0	2.20134	3.065706	1	0	0	0
Q8WXE0	CSK12_HUMAN	CASKIN2	Caskin-2	1	only in HCKIT	1.14E-01	2.358129	0	4.35765	1.724809	3.350058	0	1	0	0	0
Q9POM9	RM27_HUMAN	MRPL27	39S ribosomal protein L27, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	7.605113	0	5.922288	13.67832	10.81984	0	1	0	0	0
P19012	K1C15_HUMAN	KRT15	Keratin, type I cytoskeletal 15	1	only in HCKIT	1.14E-01	11.41518	0	6.275567	19.37377	20.01137	0	1	0	0	0
Q8N3F8	MILK1_HUMAN	MICALL1	MICAL-like protein 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.084417	0	9.01024	0	7.759857	7.567571	1	0	0	0
Q9Y2K6	UBP20_HUMAN	USP20	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 20	1	only in HCKIT	1.14E-01	8.750218	0	9.626048	0	17.41319	7.96164	1	0	0	0
Q53GQ0	DHB12_HUMAN	HSD17B12	Very-long-chain 3-oxoacyl-CoA reductase	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.204359	0	10.39581	6.256908	8.172719	0	1	0	0	0
P61970	NTF2_HUMAN	NUTF2	Nuclear transport factor 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	11.62601	0	10.52545	20.47127	0	15.50732	1	0	0	0
Q16270	IBP7_HUMAN	IGFBP7	Insulin-like growth factor-binding protein 7	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.283612	0	13.19935	6.824142	5.110952	0	1	0	0	0
O95202	LETM1_HUMAN	LETM1	LETM1 and EF-hand domain-containing protein 1, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	12.56086	0	14.17168	16.4163	19.65546	0	1	0	0	0
Q9Y2Q5	LTOR2_HUMAN	LAMTOR2	Regulator complex protein LAMTOR2	1	only in HCKIT	1.14E-01	12.48697	0	14.43907	29.52854	5.980277	0	1	0	0	0
Q07157	ZO1_HUMAN	TJP1	Tight junction protein ZO-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	10.94281	0	14.54441	14.19819	15.10863	0	1	0	0	0
Q72222	ETUD1_HUMAN	EFTUD1	Elongation factor Tu GTP-binding domain-containing protein 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.73864	0	16.94282	0	15.01075	27.00098	1	0	0	0
Q9NPQ8	RIC8A_HUMAN	RIC8A	Synebrin-A	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.66286	0	17.72608	0	27.97499	24.95036	1	0	0	0
Q72434	MAVS_HUMAN	MAVS	Mitochondrial antiviral-signaling protein	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.48854	0	18.36079	26.7328	33.50058	0	1	0	0	0
P45877	PPIC_HUMAN	PPIC	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase C	1	only in HCKIT	1.14E-01	13.21184	0	18.74162	17.50224	16.60348	0	1	0	0	0
Q14192	FHL2_HUMAN	FHL2	Four and a half LIM domains protein 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.39172	0	19.13055	17.49069	20.94565	0	1	0	0	0
Q8WXR4	MYO3B_HUMAN	MYO3B	Myosin-IIIb	1	only in HCKIT	1.14E-01	23.97055	0	20.1434	0	30.82232	44.91649	1	0	0	0
Q15323	K1H1_HUMAN	KRT31	Keratin, type I cuticular Ha1	1	only in HCKIT	1.14E-01	29.6932	0	21.23727	0	57.31136	40.22416	1	0	0	0
Q9UHY1	NRBP_HUMAN	NRBP1	Nuclear receptor-binding protein	1	only in HCKIT	1.14E-01	15.31057	0	22.12857	0	17.07507	22.03864	1	0	0	0
Q4KWH8	PLCH1_HUMAN	PLCH1	1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase eta-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	13.01448	0	22.20149	15.81556	14.04088	0	1	0	0	0
P18077	RL35A_HUMAN	RPL35A	60S ribosomal protein L35a	1	only in HCKIT	1.14E-01	15.17389	0	22.44457	0	14.02309	24.2279	1	0	0	0
Q8UD2	RB42_HUMAN	ERC1	ELKS/Rab4-interacting/CAST family member 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.9802	0	22.99556	0	27.54789	9.377366	1	0	0	0
O00515	LAD1_HUMAN	LAD1	Ladinin-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.04289	0	23.27915	0	17.03947	35.85292	1	0	0	0
Q04206	TF65_HUMAN	RELA	Transcription factor p65	1	only in HCKIT	1.14E-01	16.20408	0	23.49793	20.27488	21.04353	0	1	0	0	0
O75436	VP26A_HUMAN	VPS26A	Vacuolar protein sorting-associated protein 26A	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.71082	0	23.7005	20.41351	26.72928	0	1	0	0	0
P28062	P5B8_HUMAN	PSMB8	Proteasome subunit beta type-8	1	only in HCKIT	1.14E-01	16.58006	0	24.27579	0	31.46297	10.58146	1	0	0	0
Q12800	TFCP2_HUMAN	TFCP2	Alpha-globin transcription factor CP2	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.86867	0	25.00504	0	17.91147	16.55817	1	0	0	0
Q8WUF5	IASPP_HUMAN	PPP1R13L	RelA-associated inhibitor	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.10464	0	25.1833	17.60622	0	25.62904	1	0	0	0
Q6DKJ4	NXN_HUMAN	NXN	Nucleoredoxin	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.26715	0	25.56413	20.37885	23.12564	0	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O15027	SC16A_HUMAN	SEC16A	Protein transport protein Sec16A	1	only in HCKIT	1.14E-01	16.94578	0	25.73428	0	20.49186	21.557	1	0	0	0
Q61P21	KAT3_HUMAN	CCBL2	Kynurenine-oxoglutarate transaminase 3	1	only in HCKIT	1.14E-01	27.23856	0	26.41491	41.6357	40.90364	0	1	0	0	0
Q9NVS9	PNPO_HUMAN	PNPO	Pyridoxine-5-phosphate oxidase	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.45977	0	26.9578	23.47496	19.40631	0	1	0	0	0
Q6PII2	NCEH1_HUMAN	NCEH1	Neutral cholesterol ester hydrolase 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	18.70597	0	27.10364	22.53919	25.18105	0	1	0	0	0
Q86X55	CARM1_HUMAN	CARM1	Histone-arginine methyltransferase CARM1	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.57529	0	27.17657	20.95648	0	30.16812	1	0	0	0
O95716	RAB3D_HUMAN	RAB3D	Ras-related protein Rab-3D	1	only in HCKIT	1.14E-01	20.57395	0	27.37103	0	16.53229	38.39247	1	0	0	0
P15144	AMPN_HUMAN	ANPEP	Aminopeptidase N	1	only in HCKIT	1.14E-01	20.85431	0	27.5736	13.67832	0	42.16531	1	0	0	0
O43670	ZN207_HUMAN	ZNF207	BUB3-interacting and GLEBS motif-containing protein ZNF207	1	only in HCKIT	1.14E-01	22.97427	0	31.98959	31.1228	28.7847	0	1	0	0	0
Q9Y5Z4	HEBP2_HUMAN	HEBP2	Heme-binding protein 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	20.89019	0	33.69927	24.83817	0	25.02334	1	0	0	0
Q86Y82	STX12_HUMAN	STX12	Syntaxin-12	1	only in HCKIT	1.14E-01	20.20902	0	34.79314	0	24.60269	21.44024	1	0	0	0
Q9H859	MOB1A_HUMAN	MOB1A	MOB kinase activator 1A	1	only in HCKIT	1.14E-01	25.51389	0	37.32929	0	27.65467	37.07161	1	0	0	0
O15400	STX7_HUMAN	STX7	Syntaxin-7	1	only in HCKIT	1.14E-01	27.7864	0	37.3374	35.00449	38.80373	0	1	0	0	0
Q96EY5	MB12A_HUMAN	MVB12A	Multivesicular body subunit 12A	1	only in HCKIT	1.14E-01	24.28765	0	37.6534	25.6584	0	33.83879	1	0	0	0
P04066	FUCO_HUMAN	FUCA1	Tissue alpha-L-fucosidase	1	only in HCKIT	1.14E-01	33.40692	0	38.88502	0	69.61715	25.1255	1	0	0	0
Q99816	TS101_HUMAN	TSG101	Tumor susceptibility gene 101 protein	1	only in HCKIT	1.14E-01	23.37543	0	38.95794	26.87143	0	27.67235	1	0	0	0
P30519	HMOX2_HUMAN	HMOX2	Heme oxygenase 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	21.95969	0	39.60616	23.20925	0	25.02334	1	0	0	0
Q92520	FAM3C_HUMAN	FAM3C	Protein FAM3C	1	only in HCKIT	1.14E-01	46.77684	0	41.26722	73.74048	72.09966	0	1	0	0	0
P30475	IB39_HUMAN	HLA-B	HLA class I histocompatibility antigen, B-39 alpha chain	1	only in HCKIT	1.14E-01	34.49007	0	41.58323	60.84773	35.52931	0	1	0	0	0
Q5JRX3	PREP_HUMAN	PITRM1	Presequence protease, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	32.59847	0	46.57451	0	45.80638	38.013	1	0	0	0
P12830	CADH1_HUMAN	CDH1	Cadherin-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	50.18471	0	57.73198	68.26453	74.74234	0	1	0	0	0
P29317	EPHA2_HUMAN	EPHA2	Ephrin type-A receptor 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	51.48285	0	98.85335	0	59.44685	47.63118	1	0	0	0
P54868	HMGCS2_HUMAN	HMGCS2	Hydroxymethylglutaryl-CoA synthase, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	54.29669	0	158.9756	24.9999	0	33.2112	1	0	0	0
Q9Y4F4	F179B_HUMAN	FAM179B	Protein FAM179B	1	only in HCKIT	1.14E-01	204.5688	0	253.7776	0	379.1394	185.3581	1	0	0	0
Q5XKE5	K2C79_HUMAN	KRT79	Keratin, type II cytoskeletal 79	1	only in HCKIT	6.86E-01	0.401111	0	0.590932	0.534425	0	0.479085	1	0	0	0
Q6GMR7	FAAH2_HUMAN	FAAH2	Fatty-acid amide hydrolase 2	1	only in HCKIT	6.86E-01	0.345386	0	0.638657	0.455289	0	0.287597	1	0	0	0
P20591	MX1_HUMAN	MX1	Interferon-induced GTP-binding protein Mx1	14	only in HCKIT	2.86E-02	1925.816	0	1167.158	2746.997	2720.176	1068.932	1	0	0	0
Q9Y6N5	SQRD_HUMAN	SQRDL	Sulfide:quinone oxidoreductase, mitochondrial	14	only in HCKIT	2.86E-02	1828.901	0	1241.097	2029.215	2223.958	1821.333	1	0	0	0
P16144	ITB4_HUMAN	ITGB4	Integrin beta-4	12	only in HCKIT	2.86E-02	690.2814	0	520.0794	798.3403	845.1668	597.5389	1	0	0	0
P21980	TGM2_HUMAN	TGM2	Protein-glutamine gamma-glutamyltransferase 2	11	only in HCKIT	2.86E-02	2514.519	0	2706.783	2359.649	2559.035	2432.608	1	0	0	0
P19971	TYPH_HUMAN	TYMP	Thymidine phosphorylase	10	only in HCKIT	2.86E-02	877.6739	0	305.8053	1179.709	1278.05	747.1316	1	0	0	0
Q5VT79	AXA81_HUMAN	ANXB1	Annexin A8-like protein 1	8	only in HCKIT	2.86E-02	632.2501	0	682.1854	657.9342	740.8834	447.9973	1	0	0	0
P09914	IFIT1_HUMAN	IFIT1	Interferon-induced protein with tetra-ticopeptide repeats 1	7	only in HCKIT	2.86E-02	351.3185	0	275.3633	490.3285	509.6271	129.955	1	0	0	0
Q13753	LAMC2_HUMAN	LAMC2	Laminin subunit gamma-2	7	only in HCKIT	2.86E-02	238.5075	0	320.8034	131.7324	186.1885	315.3057	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P47895	ALI1A3_HUMAN	ALDH1A3	Aldehyde dehydrogenase family 1 member A3	7	only in HCKIT	2.86E-02	779.412	0	1464.561	489.8433	511.6736	651.5701	1	0	0	0
P02538	K2C6A_HUMAN	KRT6A	Keratin, type II cytoskeletal 6A	7	only in HCKIT	2.86E-02	2166.672	0	1982.381	2101.887	2116.205	2466.217	1	0	0	0
P07203	GPX1_HUMAN	GPX1	Glutathione peroxidase 1	6	only in HCKIT	2.86E-02	389.5023	0	195.4298	556.7793	492.1071	313.693	1	0	0	0
P17301	ITA2_HUMAN	ITGA2	Integrin alpha-2	6	only in HCKIT	2.86E-02	169.2683	0	217.3558	151.2394	158.0534	150.4246	1	0	0	0
Q9Y446	PKP3_HUMAN	PKP3	Plakophilin-3	6	only in HCKIT	2.86E-02	174.9273	0	234.2257	137.3019	196.1402	132.0413	1	0	0	0
Q9H223	EHD4_HUMAN	EHD4	EH domain-containing protein 4	6	only in HCKIT	2.86E-02	218.469	0	272.0817	134.7962	228.587	238.4113	1	0	0	0
Q9C0C2	TB182_HUMAN	TNKS1BP1	182 kDa tankyrase-1-binding protein	5	only in HCKIT	2.86E-02	139.3452	0	145.3355	95.52875	177.0237	139.4929	1	0	0	0
P48449	ERG7_HUMAN	LSS	Lanosterol synthase	4	only in HCKIT	2.86E-02	86.65526	0	69.89742	31.85062	117.567	127.306	1	0	0	0
P11498	PYC_HUMAN	PC	Pyruvate carboxylase, mitochondrial	4	only in HCKIT	2.86E-02	103.5598	0	80.51687	125.2883	158.4894	49.94451	1	0	0	0
Q43795	MYO1B_HUMAN	MYO1B	Unconventional myosin-Ib	4	only in HCKIT	2.86E-02	161.0636	0	117.1169	68.33384	202.703	256.1006	1	0	0	0
Q13451	FKBP5_HUMAN	FKBP5	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP5	4	only in HCKIT	2.86E-02	166.6394	0	170.3438	136.5406	182.2912	177.3818	1	0	0	0
P12532	KCRJ_HUMAN	CKMT1A	Creatine kinase U-type, mitochondrial	4	only in HCKIT	2.86E-02	400.6412	0	212.794	607.2066	593.7033	188.8609	1	0	0	0
P16615	AT2A2_HUMAN	ATP2A2	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2	4	only in HCKIT	2.86E-02	225.2779	0	234.1609	173.3242	275.4878	218.1387	1	0	0	0
Q14879	IFIT3_HUMAN	IFIT3	Interferon-induced protein with tetraatricopeptide repeats 3	4	only in HCKIT	2.86E-02	254.5191	0	247.1091	342.6778	327.0052	101.2843	1	0	0	0
P35606	COPB2_HUMAN	COPB2	Coatomer subunit beta	3	only in HCKIT	2.86E-02	41.35903	0	21.74774	25.71386	53.52975	64.44477	1	0	0	0
P23229	ITA6_HUMAN	ITGA6	Integrin alpha-6	3	only in HCKIT	2.86E-02	115.4986	0	39.47652	155.6833	177.1304	89.70406	1	0	0	0
P52306	GDS1_HUMAN	RAP1GDS1	Rap1 GTPase-GDP dissociation stimulator 1	3	only in HCKIT	2.86E-02	33.74661	0	52.80146	22.4202	27.83796	31.92683	1	0	0	0
P49589	SYCC_HUMAN	CARS	Cysteine-IRNA ligase, cytoplasmic	3	only in HCKIT	2.86E-02	63.5684	0	58.46122	72.72384	45.40597	77.68254	1	0	0	0
P10253	LYAG_HUMAN	GAA	Lysosomal alpha-glucosidase	3	only in HCKIT	2.86E-02	148.4885	0	89.95088	206.7691	208.7002	88.53402	1	0	0	0
Q9Y6M1	IF2B2_HUMAN	IGF2BP2	Insulin-like growth factor 2 mRNA-binding protein 2	3	only in HCKIT	2.86E-02	145.5918	0	102.5725	191.7044	189.5074	98.58276	1	0	0	0
Q14896	IRF6_HUMAN	IRF6	Interferon regulatory factor 6	3	only in HCKIT	2.86E-02	112.2425	0	120.9819	146.291	145.1069	36.58997	1	0	0	0
P29590	PML_HUMAN	PML	Protein PML	3	only in HCKIT	2.86E-02	154.2489	0	124.0285	189.0127	188.1638	115.7904	1	0	0	0
Q03135	CAV1_HUMAN	CAV1	Caveolin-1	3	only in HCKIT	2.86E-02	282.6591	0	316.9708	364.9247	330.2722	118.4686	1	0	0	0
Q5JWF2	GNAS1_HUMAN	GNAS	Guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha isoforms XLas	2	only in HCKIT	2.86E-02	32.73987	0	6.318512	32.46291	52.24579	39.93226	1	0	0	0
Q9Y394	DHRS7_HUMAN	DHRS7	Dehydrogenase/reductase SDR family member 7	2	only in HCKIT	2.86E-02	24.94809	0	6.506495	34.08028	36.64154	22.56406	1	0	0	0
Q9Y5P6	GMPPB_HUMAN	GMPPB	Mannose-1-phosphate guanylyltransferase beta	2	only in HCKIT	2.86E-02	24.49929	0	12.86714	20.22867	32.04044	32.86092	1	0	0	0
P35914	HMGCL_HUMAN	HMGCL	Hydroxymethylglutaryl-CoA lyase, mitochondrial	2	only in HCKIT	2.86E-02	74.94078	0	29.57498	113.3314	113.3414	43.51536	1	0	0	0
ADAVT1	UBA6_HUMAN	UBA6	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 6	2	only in HCKIT	2.86E-02	25.87232	0	31.37379	14.6603	25.7692	31.68601	1	0	0	0
Q03154	ACY1_HUMAN	ACY1	Aminoacylase-1	2	only in HCKIT	2.86E-02	37.3526	0	33.4967	52.64536	45.92205	17.3463	1	0	0	0
Q9NYU2	UGGG1_HUMAN	UGGT1	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase 1	2	only in HCKIT	2.86E-02	34.36111	0	40.41644	22.42367	49.79264	24.81171	1	0	0	0
Q9UHA4	LTOR3_HUMAN	LAMTOR3	Ragulator complex protein LAMTOR3	2	only in HCKIT	2.86E-02	76.03926	0	40.84588	113.3545	88.93449	61.02221	1	0	0	0
Q13642	FHL1_HUMAN	FHL1	Four and a half LIM domains protein 1	2	only in HCKIT	2.86E-02	56.50661	0	53.6563	59.11484	48.51134	64.74397	1	0	0	0
Q9NZ08	ERAP1_HUMAN	ERAP1	Endoplasmic reticulum aminopeptidase 1	2	only in HCKIT	2.86E-02	54.5696	0	53.67251	36.8067	79.67178	48.12742	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P20592	MX2_HUMAN	MX2	Interferon-induced GTP-binding protein MX2	2	only in HCKIT	2.86E-02	72.65188	0	64.88669	85.75522	112.2203	27.74533	1	0	0	0
Q8WWM9	CYGB_HUMAN	CYGB	Cytoglobin	2	only in HCKIT	2.86E-02	44.17523	0	67.33372	14.4408	45.07675	49.84964	1	0	0	0
Q92530	PSMF1_HUMAN	PSMF1	Proteasome inhibitor PI31 subunit	2	only in HCKIT	2.86E-02	49.05837	0	67.43095	23.31322	44.36492	61.12437	1	0	0	0
O15231	ZNF185_HUMAN	ZNF185	Zinc finger protein 185	2	only in HCKIT	2.86E-02	81.22468	0	93.59468	84.13785	98.90013	48.26407	1	0	0	0
Q9BW04	SARG_HUMAN	SARG	Specifically androgen-regulated gene protein	2	only in HCKIT	2.86E-02	77.72345	0	96.05791	70.52884	71.23657	73.07048	1	0	0	0
Q16787	LAMA3_HUMAN	LAMA3	Laminin subunit alpha-3	2	only in HCKIT	2.86E-02	61.37159	0	96.73044	44.83578	34.3014	69.61874	1	0	0	0
P26006	ITGA3_HUMAN	ITGA3	Integrin alpha-3	2	only in HCKIT	2.86E-02	99.94575	0	110.0675	97.72375	95.91934	96.0724	1	0	0	0
P01040	CYTA_HUMAN	CSTA	Cystatin-A	2	only in HCKIT	2.86E-02	102.2462	0	121.5329	118.4723	101.9076	67.07189	1	0	0	0
P13928	ANXA8_HUMAN	ANXA8	Annexin A8	2	only in HCKIT	2.86E-02	125.0742	0	127.2696	171.8224	126.3027	74.90217	1	0	0	0
Q56VL3	OCAD2_HUMAN	OCAD2	OCIA domain-containing protein 2	2	only in HCKIT	2.86E-02	127.0218	0	144.5676	148.4052	130.1673	84.94726	1	0	0	0
Q9HCY8	S10A1_HUMAN	S10A14	Protein S100-A14	2	only in HCKIT	2.86E-02	120.1244	0	173.7226	92.09762	96.59558	118.0818	1	0	0	0
P29034	S10A2_HUMAN	S10A2	Protein S100-A2	2	only in HCKIT	2.86E-02	1864.402	0	2598.547	1327.051	1369.742	2162.267	1	0	0	0
O75879	GATB_HUMAN	GATB	Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit B, mitochondrial	1	only in HCKIT	2.86E-02	3.29522	0	2.920225	2.923972	3.329593	4.007091	1	0	0	0
P02787	TRFE_HUMAN	TF	Serotransferrin	1	only in HCKIT	2.86E-02	8.681	0	6.064896	10.14206	9.511853	9.005191	1	0	0	0
Q8IZW8	TENS4_HUMAN	TNS4	Tensin-4	1	only in HCKIT	2.86E-02	9.038438	0	6.895426	11.46715	11.37151	6.419665	1	0	0	0
O15533	TPSN_HUMAN	TAPBP	Tapasin	1	only in HCKIT	2.86E-02	9.67055	0	7.568764	8.248582	10.1525	12.71235	1	0	0	0
Q14155	ARHG7_HUMAN	ARHGEF7	Rho guanine nucleotide exchange factor 7	1	only in HCKIT	2.86E-02	9.487006	0	10.34719	9.914472	11.15796	6.528398	1	0	0	0
P23497	SP100_HUMAN	SP100	Nuclear autoantigen Sp-100	1	only in HCKIT	2.86E-02	21.53712	0	15.80033	25.68151	26.07974	18.58689	1	0	0	0
P52789	HXK2_HUMAN	HK2	Hexokinase-2	1	only in HCKIT	2.86E-02	24.58632	0	16.2946	22.79335	29.95032	29.30701	1	0	0	0
P20645	MPRD_HUMAN	M6PR	Cation-dependent mannose-6-phosphate receptor	1	only in HCKIT	2.86E-02	22.2809	0	17.36416	25.16164	19.08599	27.51181	1	0	0	0
Q9P206	K1522_HUMAN	KIAA1522	Uncharacterized protein KIAA1522	1	only in HCKIT	2.86E-02	19.6239	0	17.4776	22.71248	23.73959	14.56593	1	0	0	0
Q9UQB8	BAIP2_HUMAN	BAIAP2	Brain-specific angiogenesis inhibitor 1-associated protein 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	14.87686	0	22.12046	13.10069	12.17232	12.11395	1	0	0	0
P40306	PSB10_HUMAN	PSMB10	Proteasome subunit beta type-10	1	only in HCKIT	2.86E-02	38.5033	0	22.2258	63.5626	40.93923	27.28558	1	0	0	0
O60613	SEP15_HUMAN	42248	15 kDa selenoprotein	1	only in HCKIT	2.86E-02	23.38434	0	24.17045	24.3183	24.02432	21.02427	1	0	0	0
Q6NXG1	ESRP1_HUMAN	ESRP1	Epithelial splicing regulatory protein 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	23.26548	0	24.21907	33.00588	14.76161	21.07536	1	0	0	0
Q15075	EEA1_HUMAN	EEA1	Early endosome antigen 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	21.97701	0	24.5999	25.17319	24.21118	13.92375	1	0	0	0
Q99653	CHP1_HUMAN	CHP1	Calcineurin B homologous protein 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	25.12589	0	28.77281	23.6598	29.63	18.44094	1	0	0	0
Q9H0E2	TOLLIP_HUMAN	TOLLIP	Toll-interacting protein	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.43658	0	29.43723	46.26831	40.44094	25.59985	1	0	0	0
Q9P0V9	SEP10_HUMAN	40422	Septin-10	1	only in HCKIT	2.86E-02	26.97823	0	29.98822	27.24112	25.85729	24.8263	1	0	0	0
Q14914	PTGR1_HUMAN	PTGR1	Prostaglandin reductase 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	37.56276	0	30.49059	43.04512	46.59829	30.11704	1	0	0	0
P17900	SAP3_HUMAN	GM2A	Ganglioside GM2 activator	1	only in HCKIT	2.86E-02	23.51537	0	31.15501	11.37935	18.65889	32.86822	1	0	0	0
Q9Y314	NOSIP_HUMAN	NOSIP	Nitric oxide synthase-interacting protein	1	only in HCKIT	2.86E-02	22.17889	0	33.34275	19.66259	17.91147	17.79875	1	0	0	0
Q9BYMB	HOIL1_HUMAN	RBCK1	RanBP-type and C3HC4-type zinc finger-containing protein 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.18475	0	33.42108	28.6852	35.87632	42.75641	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O95834	EMAL2_HUMAN	EML2	Echinoderm microtubule-associated protein-like 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.87368	0	33.7965	32.35893	35.94751	41.39177	1	0	0	0
Q9UBC5	MYO1A_HUMAN	MYO1A	Unconventional myosin-Ia	1	only in HCKIT	2.86E-02	49.02043	0	34.42041	27.18335	40.85025	93.62771	1	0	0	0
P63172	DYL1_HUMAN	DYNLT1	Dynein light chain Ctlex-type 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.81362	0	36.54333	40.26094	36.06318	30.38705	1	0	0	0
Q8WUP2	FBLL1_HUMAN	FBLL1	Filamin-binding LIM protein 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	28.45361	0	37.83977	26.16672	28.53556	21.27239	1	0	0	0
P04424	ARLY_HUMAN	ASL	Argininosuccinate lyase	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.2345	0	38.94984	34.1958	35.69837	32.10197	1	0	0	0
Q4P984	TLDC1_HUMAN	TLDC1	TLD domain-containing protein 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	37.66919	0	39.44411	35.80162	43.19039	32.24063	1	0	0	0
O14933	UB2L6_HUMAN	UB2L6	Ubiquitin/ISG15-conjugating enzyme E2 L6	1	only in HCKIT	2.86E-02	42.14886	0	44.28954	49.08715	48.86725	26.35149	1	0	0	0
Q14116	IL18_HUMAN	IL18	Interleukin-18	1	only in HCKIT	2.86E-02	46.05993	0	44.71899	52.69157	49.88161	36.94755	1	0	0	0
P28482	MK01_HUMAN	MAPK1	Mitogen-activated protein kinase 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	38.72611	0	46.2342	35.99801	37.91394	34.75829	1	0	0	0
O95292	VAPB_HUMAN	VAPB	Vesicle-associated membrane protein-associated protein B/C	1	only in HCKIT	2.86E-02	47.81005	0	46.8338	62.52287	59.14433	22.7392	1	0	0	0
A5A3E0	POTEF_HUMAN	POTEF	POTE ankyrin domain family member F	1	only in HCKIT	2.86E-02	62.86443	0	56.83257	81.03019	62.40985	51.1851	1	0	0	0
P17540	KCRS_HUMAN	CKMT2	Creatine kinase S-type, mitochondrial	1	only in HCKIT	2.86E-02	135.674	0	93.10041	197.6656	188.8134	63.11661	1	0	0	0
P09758	TACD2_HUMAN	TACSD2	Tumor-associated calcium signal transducer 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	122.2526	0	142.122	136.3211	161.1409	49.42638	1	0	0	0
Q9Y5E1	PCDH9_HUMAN	PCDH9	Protocadherin beta-9	1	only in HCKIT	2.86E-02	113.4884	0	155.8156	115.9885	96.98708	85.16254	1	0	0	0
P30480	IB42_HUMAN	HLA-B	HLA class I histocompatibility antigen, B-42 alpha chain	1	only in HCKIT	2.86E-02	166.4316	0	173.8036	201.0159	185.1652	105.7417	1	0	0	0
P18510	IL1RA_HUMAN	IL1RN	Interleukin-1 receptor antagonist protein	1	only in HCKIT	2.86E-02	268.8562	0	220.2323	348.1579	253.5901	253.4443	1	0	0	0
Q14533	KRT81_HUMAN	KRT81	Keratin, type II cuticular Hb1	1	only in HCKIT	5.71E-02	1.20537	0	1.312643	1.09958	1.450357	0.9589	1	0	0	0
P18827	SDC1_HUMAN	SDC1	Syndecan-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	2.455589	0	3.521448	3.269396	3.031514	0	1	0	0	0
Q86UP8	GTD2A_HUMAN	GTF2IRD2	General transcription factor II-I repeat domain-containing protein 2A	1	only in HeLa	2.86E-02	0	466.1524	1	0	0	0	760.6588	27.89209	1051.264	24.79486
Q8NCA5	FAP8A_HUMAN	FAM98A	Protein FAM98A	2	only in HeLa	1.14E-01	0	42.86337	1	0	0	0	0	61.34492	53.60129	56.50726
P14735	IDE_HUMAN	IDE	Insulin-degrading enzyme	2	only in HeLa	1.14E-01	0	55.90967	1	0	0	0	59.72418	80.95487	0	82.95962
Q00169	PIPNA_HUMAN	PIPNA	Phosphatidylinositol transfer protein alpha isoform	2	only in HeLa	1.14E-01	0	11.26689	1	0	0	0	15.18139	14.56107	0	15.32512
Q14738	2ASD_HUMAN	PPP2R5D	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 54 kDa regulatory subunit delta isoform	1	only in HeLa	1.14E-01	0	19.61643	1	0	0	0	35.60404	0	17.7793	25.08239
Q15067	ACOX1_HUMAN	ACOX1	Peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	8.119724	1	0	0	0	10.70903	10.09971	0	11.67016
Q99933	BAG1_HUMAN	BAG1	BAG family molecular chaperone regulator 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	12.99029	1	0	0	0	18.67623	15.12009	0	18.16486
P07711	CATL1_HUMAN	CTSL	Cathepsin L1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	36.2989	1	0	0	0	55.77039	50.3217	0	39.10349
P35520	CBS_HUMAN	CBS	Cystathionine beta-synthase	1	only in HeLa	1.14E-01	0	12.7454	1	0	0	0	20.28556	14.33412	0	16.3619
P45973	CBX5_HUMAN	CBX5	Chromobox protein homolog 5	1	only in HeLa	1.14E-01	0	19.25888	1	0	0	0	0	11.98604	34.79165	30.25785
Q99459	CDC5L_HUMAN	CDC5L	Cell division cycle 5-like protein	1	only in HeLa	1.14E-01	0	9.851484	1	0	0	0	8.419203	16.65273	0	14.334
P11802	CDK4_HUMAN	CDK4	Cyclin-dependent kinase 4	1	only in HeLa	1.14E-01	0	14.4486	1	0	0	0	15.42775	21.3096	0	21.05703
Q00535	CDK5_HUMAN	CDK5	Cyclin-dependent-like kinase 5	1	only in HeLa	1.14E-01	0	8.221866	1	0	0	0	10.69909	11.25901	0	10.92936
Q16878	CDO1_HUMAN	CDO1	Cysteine dioxygenase type 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	50.83001	1	0	0	0	50.43574	110.3305	0	42.5538
O76031	CLPX_HUMAN	CLPX	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit clpX-like, mitochondrial	1	only in HeLa	1.14E-01	0	6.35608	1	0	0	0	8.458939	8.676122	8.289259	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P09543	CN37_HUMAN	CNP	2,3-cyclic-nucleotide 3-phosphodiesterase	1	only in HeLa	1.14E-01	0	10.12208	1	0	0	0	11.70244	13.6857	0	15.10017
Q15003	CND2_HUMAN	NCAPH	Condensin complex subunit 2	1	only in HeLa	1.14E-01	0	16.69307	1	0	0	0	20.23589	16.61975	0	29.71663
P20674	COX5A_HUMAN	COX5A	Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial	1	only in HeLa	1.14E-01	0	36.66098	1	0	0	0	23.92295	61.22431	61.49667	
P23786	CPT2_HUMAN	CPT2	Carnitine O-palmitoyltransferase 2, mitochondrial	1	only in HeLa	1.14E-01	0	22.27574	1	0	0	0	25.37185	0	33.49016	30.24094
Q13618	CUL3_HUMAN	CUL3	Cullin-3	1	only in HeLa	1.14E-01	0	8.918215	1	0	0	0	15.04032	7.974644	0	12.6579
Q96HY6	DDRCK_HUMAN	DDRCK1	DDRCK domain-containing protein 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	2.418626	1	0	0	0	3.984592	0	2.092457	3.597454
Q9NQI0	DDX4_HUMAN	DDX4	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX4	1	only in HeLa	1.14E-01	0	45.99866	1	0	0	0	64.03687	65.63234	54.32544	
P49184	DNSL1_HUMAN	DNASE1L1	Deoxyribonuclease-1-like 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	4.251555	1	0	0	0	5.827964	2.809568	8.368689	
Q14195	DPYL3_HUMAN	DPYSL3	Dihydropyrimidinase-related protein 3	1	only in HeLa	1.14E-01	0	14.66179	1	0	0	0	15.97483	18.554	24.11833	
O75822	EIF3J_HUMAN	EIF3J	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit J	1	only in HeLa	1.14E-01	0	19.34491	1	0	0	0	23.98107	33.61002	0	19.78853
O95163	ELP1_HUMAN	IKBKAP	Elongator complex protein 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	2.943254	1	0	0	0	3.374635	5.717929	2.680452	0
Q14320	FAM50A_HUMAN	FAM50A	Protein FAM50A	1	only in HeLa	1.14E-01	0	18.3523	1	0	0	0	21.15977	0	24.13956	28.10987
Q81B52	FBX30_HUMAN	FBXO30	F-box only protein 30	1	only in HeLa	1.14E-01	0	15.06883	1	0	0	0	20.51405	20.38609	19.37518	0
B5MD39	GGT3_HUMAN	GGTLC3	Putative gamma-glutamyltransferase light chain 3	1	only in HeLa	1.14E-01	0	21.19827	1	0	0	0	25.65001	24.63032	34.51276	0
P22830	HEMH_HUMAN	FECH	Ferrocitase, mitochondrial	1	only in HeLa	1.14E-01	0	1.791995	1	0	0	0	0	2.447313	2.601433	2.119234
B2RPK0	HGB1A_HUMAN	HMG1P1	Putative high mobility group protein B1-like 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	108.7572	1	0	0	0	81.99658	141.278	0	211.7542
Q9BW72	HIG2A_HUMAN	HIGD2A	HIG1 domain family member 2A, mitochondrial	1	only in HeLa	1.14E-01	0	9.643192	1	0	0	0	15.64631	15.04149	0	7.884969
Q72627	HUWE1_HUMAN	HUWE1	E3 ubiquitin-protein ligase HUWE1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	19.12918	1	0	0	0	37.39219	27.2142	0	11.91033
P54105	ICLN_HUMAN	CLNS1A	Methylosome subunit pICln	1	only in HeLa	1.14E-01	0	10.88056	1	0	0	0	13.32171	13.97061	16.2299	0
Q9NZI8	IF2B1_HUMAN	IGF2BP1	Insulin-like growth factor 2 mRNA-binding protein 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	25.72385	1	0	0	0	39.75652	33.35458	0	29.78428
Q9Y547	IFT25_HUMAN	HSPB11	Intraflagellar transport protein 25 homolog	1	only in HeLa	1.14E-01	0	28.39188	1	0	0	0	42.83611	39.05286	0	31.67857
P26440	IVD_HUMAN	IVD	Isovaleryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	1	only in HeLa	1.14E-01	0	18.67667	1	0	0	0	27.5077	21.78118	25.41781	0
P13861	KAP2_HUMAN	PRKAR2A	cAMP-dependent protein kinase type II-alpha regulatory subunit	1	only in HeLa	1.14E-01	0	14.06453	1	0	0	0	15.26881	23.38259	0	17.60672
P52732	KIF11_HUMAN	KIF11	Kinesin-like protein KIF11	1	only in HeLa	1.14E-01	0	12.2475	1	0	0	0	19.07359	0	14.65727	15.25916
Q14676	MDC1_HUMAN	MDC1	Mediator of DNA damage checkpoint protein 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	6.826752	1	0	0	0	10.67922	7.958924	8.66861	0
P61326	MGN_HUMAN	MAGOH	Protein mago nashi homolog	1	only in HeLa	1.14E-01	0	56.35839	1	0	0	0	66.16152	87.57666	0	71.69538
P40692	MLH1_HUMAN	MLH1	DNA mismatch repair protein Mlh1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	6.600046	1	0	0	0	0	8.230084	8.343488	9.826614
Q9UBK8	MTRR_HUMAN	MTRR	Methionine synthase reductase	1	only in HeLa	1.14E-01	0	9.426005	1	0	0	0	12.19915	12.90955	0	12.59532
O75431	MTX2_HUMAN	MTX2	Metaxin-2	1	only in HeLa	1.14E-01	0	9.334208	1	0	0	0	7.977132	15.77834	0	13.58136
Q9UMS0	NFU1_HUMAN	NFU1	NFU1 iron-sulfur cluster scaffold homolog, mitochondrial	1	only in HeLa	1.14E-01	0	8.059336	1	0	0	0	9.673887	10.02111	12.54235	0
Q9GZT8	NIF3L_HUMAN	NIF3L1	NIF3-like protein 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	25.47228	1	0	0	0	36.52791	33.76722	0	31.594
O60936	NOL3_HUMAN	NOL3	Nucleolar protein 3	1	only in HeLa	1.14E-01	0	8.38839	1	0	0	0	7.224123	0	15.92777	10.40166
Q9Y639	NPTN_HUMAN	NPTN	Neuroplastin	1	only in HeLa	1.14E-01	0	22.37691	1	0	0	0	31.19327	26.5363	31.77808	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q8TCD5	NTSC_HUMAN	NTSC	5[3]-deoxyribonucleotidase, cytosolic type	1	only in HeLa	1.14E-01	0	14.33531	1	0	0	0	0	18.95169	26.38618	12.00335
P57740	NU107_HUMAN	NUP107	Nuclear pore complex protein Nup107	1	only in HeLa	1.14E-01	0	26.43577	1	0	0	0	40.75987	37.92303	27.06017	0
Q12769	NU160_HUMAN	NUP160	Nuclear pore complex protein Nup160	1	only in HeLa	1.14E-01	0	1.829051	1	0	0	0	2.79746	3.002404	1.516341	0
P35658	NU214_HUMAN	NUP214	Nuclear pore complex protein Nup214	1	only in HeLa	1.14E-01	0	8.107321	1	0	0	0	13.90783	0	6.492737	12.02872
Q8IVL5	P3H2_HUMAN	LEPRL1	Prolyl 3-hydroxylase 2	1	only in HeLa	1.14E-01	0	23.88047	1	0	0	0	31.68004	34.50406	29.33778	0
Q8IVL6	P3H3_HUMAN	LEPRL2	Prolyl 3-hydroxylase 3	1	only in HeLa	1.14E-01	0	22.6291	1	0	0	0	28.06401	0	28.52435	33.92803
Q8N7H5	PAF1_HUMAN	PAF1	RNA polymerase II-associated factor 1 homolog	1	only in HeLa	1.14E-01	0	11.36273	1	0	0	0	15.18933	18.28362	0	11.97798
Q8NBP7	PCSK9_HUMAN	PCSK9	Proprotein convertase subtilisin/kexin type 9	1	only in HeLa	1.14E-01	0	17.38599	1	0	0	0	39.28961	0	13.23957	17.01476
Q6Y7W6	PERQ2_HUMAN	GIGYF2	PERQ amino acid-rich with GYF domain-containing protein 2	1	only in HeLa	1.14E-01	0	12.53147	1	0	0	0	17.2159	14.79588	0	18.11412
O75381	PEX14_HUMAN	PEX14	Peroxisomal membrane protein PEX14	1	only in HeLa	1.14E-01	0	1.611777	1	0	0	0	2.164654	2.034679	0	2.247774
Q9NRX4	PHF14_HUMAN	PHF1	14 kDa phosphohistidine phosphatase	1	only in HeLa	1.14E-01	0	13.9316	1	0	0	0	10.34146	0	26.05306	19.33187
P61457	PHS_HUMAN	PCBD1	Pterin-4-alpha-carbinolamine dehydratase	1	only in HeLa	1.14E-01	0	15.85342	1	0	0	0	22.03397	21.3882	0	19.99149
P50336	PPOX_HUMAN	PPOX	Protoporphyrinogen oxidase	1	only in HeLa	1.14E-01	0	8.831656	1	0	0	0	4.810121	0	16.08271	14.43379
P49643	PR12_HUMAN	PRIM2	DNA primase large subunit	1	only in HeLa	1.14E-01	0	8.946635	1	0	0	0	10.7885	15.51307	0	9.484965
Q8WYW3	PRP31_HUMAN	PRPF31	U4/U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp31	1	only in HeLa	1.14E-01	0	8.58705	1	0	0	0	6.367798	6.297581	0	21.68282
Q6GMV3	PTR1_HUMAN	PTRHD1	Putative peptidyl-RNA hydrolase PTRHD1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	17.17421	1	0	0	0	12.18922	26.4184	30.08924	0
P27708	PYR1_HUMAN	CAD	CAD protein	1	only in HeLa	1.14E-01	0	20.18852	1	0	0	0	27.04079	32.65704	21.05627	0
Q8IY67	RAVR1_HUMAN	RAVER1	Ribonucleoprotein PB-binding 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	10.2034	1	0	0	0	0	12.70323	12.45713	15.65324
P46063	RECQ1_HUMAN	RECQL	ATP-dependent DNA helicase Q1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	34.27837	1	0	0	0	47.5151	55.96103	33.63735	0
Q92900	RENT1_HUMAN	UPF1	Regulator of nonsense transcripts 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	7.218592	1	0	0	0	10.96732	11.32779	0	6.579265
P27694	RFA1_HUMAN	RPA1	Replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit	1	only in HeLa	1.14E-01	0	29.73285	1	0	0	0	47.70385	45.91045	25.3171	0
Q969G6	RIFK_HUMAN	RFK	Riboflavin kinase	1	only in HeLa	1.14E-01	0	14.12405	1	0	0	0	19.49083	20.58258	0	16.42279
Q9UNX3	RL26L_HUMAN	RPL26L1	60S ribosomal protein L26-like 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	26.52141	1	0	0	0	29.09716	36.66548	40.32299	0
Q9Y3U8	RL36_HUMAN	RPL36	60S ribosomal protein L36	1	only in HeLa	1.14E-01	0	54.9057	1	0	0	0	50.43574	94.34582	0	74.84125
Q9NYK5	RM39_HUMAN	MRPL39	39S ribosomal protein L39, mitochondrial	1	only in HeLa	1.14E-01	0	24.93655	1	0	0	0	0	33.0009	34.37331	32.37201
O75792	RNH2A_HUMAN	RNASEH2A	Ribonuclease H2 subunit A	1	only in HeLa	1.14E-01	0	13.37693	1	0	0	0	19.23254	21.51592	12.75926	0
P19387	RPB3_HUMAN	POLR2C	DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB3	1	only in HeLa	1.14E-01	0	13.51716	1	0	0	0	18.79544	19.53134	15.74185	0
Q96P16	RPR1A_HUMAN	RPRD1A	Regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 1A	1	only in HeLa	1.14E-01	0	9.404184	1	0	0	0	19.29214	2.977842	15.34675	0
O95197	RTN3_HUMAN	RTN3	Reticulon-3	1	only in HeLa	1.14E-01	0	26.4925	1	0	0	0	25.33211	36.8325	0	43.80539
Q96NU1	SAM11_HUMAN	SAMD11	Sterile alpha motif domain-containing protein 11	1	only in HeLa	1.14E-01	0	5.530676	1	0	0	0	4.101319	4.056094	0	13.96529
O14828	SCAM3_HUMAN	SCAMP3	Secretory carrier-associated membrane protein 3	1	only in HeLa	1.14E-01	0	6.784555	1	0	0	0	0	5.187399	4.090401	17.86042
O95721	SNP29_HUMAN	SNAP29	Synaptosomal-associated protein 29	1	only in HeLa	1.14E-01	0	9.445571	1	0	0	0	14.12638	13.13552	10.52039	0
Q9BVQ7	SPA5L_HUMAN	SPATASL1	Spermatogenesis-associated protein 5-like protein 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	1.162503	1	0	0	0	1.278527	1.553272	1.818214	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q96R06	SPAG5_HUMAN	SPAG5	Sperm-associated antigen 5	1	only in HeLa	1.14E-01	0	2.602103	1	0	0	0	6.094609	2.693911	1.619892	0
Q75934	SPF27_HUMAN	BCAS2	Pre-miRNA-splicing factor SPF27	1	only in HeLa	1.14E-01	0	10.27302	1	0	0	0	11.03685	15.99448	14.06075	0
Q8N0X7	SPQ20_HUMAN	SPQ20	Sparlin	1	only in HeLa	1.14E-01	0	25.23354	1	0	0	0	27.61697	39.52444	0	33.79273
Q08170	SRSF4_HUMAN	SRSF4	Serine/arginine-rich splicing factor 4	1	only in HeLa	1.14E-01	0	102.0907	1	0	0	0	0	231.6645	29.48497	147.2132
Q16563	SYPL1_HUMAN	SYPL1	Synaptophysin-like protein 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	53.37986	1	0	0	0	80.93362	0	60.9919	71.5939
Q9BSH4	TACO1_HUMAN	TACO1	Translational activator of cytochrome c oxidase 1	1	only in HeLa	1.14E-01	0	5.929718	1	0	0	0	6.035997	8.539559	0	9.143317
Q9BQ87	TBL1Y_HUMAN	TBL1Y	F-box-like/WD repeat-containing protein TBL1Y	1	only in HeLa	1.14E-01	0	15.27241	1	0	0	0	22.63996	21.43732	17.01235	0
Q16762	THTR_HUMAN	TST	Thiosulfate sulfurtransferase	1	only in HeLa	1.14E-01	0	5.57456	1	0	0	0	3.899159	6.018562	0	12.38052
P11388	TOP2A_HUMAN	TOP2A	DNA topoisomerase 2-alpha	1	only in HeLa	1.14E-01	0	9.911128	1	0	0	0	22.38167	7.067831	10.19501	0
Q9Y2W1	TR150_HUMAN	THRAP3	Thyroid hormone receptor-associated protein 3	1	only in HeLa	1.14E-01	0	26.73618	1	0	0	0	54.54848	8.810719	0	43.58551
Q12816	TROP_HUMAN	TRO	Trophinin	1	only in HeLa	1.14E-01	0	62.64536	1	0	0	0	73.47505	0	167.4895	9.616889
Q15819	UBE2V2_HUMAN	UBE2V2	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 2	1	only in HeLa	1.14E-01	0	71.66846	1	0	0	0	0	63.63406	125.5009	97.53886
Q5T6F2	UBAP2_HUMAN	UBAP2	Ubiquitin-associated protein 2	1	only in HeLa	1.14E-01	0	14.7169	1	0	0	0	21.1697	20.73977	16.95812	0
Q9UBQ0	VPS29_HUMAN	VPS29	Vacuolar protein sorting-associated protein 29	1	only in HeLa	1.14E-01	0	14.19691	1	0	0	0	25.44139	16.75098	14.59529	0
O00401	WASL_HUMAN	WASL	Neural Wiskott-Aldrich syndrome protein	1	only in HeLa	1.14E-01	0	5.018734	1	0	0	0	6.159181	6.428249	0	7.487507
Q43709	WBS22_HUMAN	WBS22	Probable 18S rRNA (guanine-N(7))-methyltransferase	1	only in HeLa	1.14E-01	0	16.38065	1	0	0	0	14.62309	32.97142	0	17.92807
Q96JPS	ZFP91_HUMAN	ZFP91	E3 ubiquitin-protein ligase ZFP91	1	only in HeLa	1.14E-01	0	3.827675	1	0	0	0	6.721454	4.495746	4.0935	0
Q9NZQ3	SPN90_HUMAN	NCKIPSD	NCK-interacting protein with SH3 domain	1	only in HeLa	3.43E-01	0	0.938017	1	0	0	0	0.663205	0.479147	0	2.609719
P31327	CPSM_HUMAN	CPS1	Carbamoyl-phosphate synthase [ammonia], mitochondrial	49	only in HeLa	2.86E-02	0	10775.34	1	0	0	0	10784.46	9417.438	11799.51	11099.96
P25205	MCM3_HUMAN	MCM3	DNA replication licensing factor MCM3	12	only in HeLa	2.86E-02	0	633.0813	1	0	0	0	576.6947	669.2727	493.2264	793.1312
P49736	MCM2_HUMAN	MCM2	DNA replication licensing factor MCM2	11	only in HeLa	2.86E-02	0	452.4144	1	0	0	0	315.5477	532.3765	520.8211	440.9122
P47712	PA24A_HUMAN	PLA2G4A	Cytosolic phospholipase A2	11	only in HeLa	2.86E-02	0	595.5581	1	0	0	0	648.669	455.6855	699.8854	577.9926
Q13228	SBP1_HUMAN	SELENBP1	Selenium-binding protein 1	11	only in HeLa	2.86E-02	0	559.1043	1	0	0	0	519.7057	457.8371	560.0518	698.8228
P32004	L1CAM_HUMAN	L1CAM	Neural cell adhesion molecule L1	6	only in HeLa	2.86E-02	0	357.0939	1	0	0	0	354.9774	387.6009	336.5904	349.2067
Q14244	MAP7_HUMAN	MAP7	Ensconsin	6	only in HeLa	2.86E-02	0	226.8318	1	0	0	0	217.6019	239.9408	193.1088	256.6759
P43246	MSH2_HUMAN	MSH2	DNA mismatch repair protein Msh2	6	only in HeLa	2.86E-02	0	140.4786	1	0	0	0	167.341	177.4425	86.86679	130.2644
P09923	PPBI_HUMAN	ALPI	Intestinal-type alkaline phosphatase	6	only in HeLa	2.86E-02	0	344.506	1	0	0	0	363.1632	209.9816	426.6644	378.2147
Q75718	CRTAP_HUMAN	CRTAP	Cartilage-associated protein	5	only in HeLa	2.86E-02	0	127.4674	1	0	0	0	108.3122	123.0141	137.6559	140.8876
P21266	GSTM3_HUMAN	GSTM3	Glutathione S-transferase Mu 3	5	only in HeLa	2.86E-02	0	392.0045	1	0	0	0	472.9655	461.374	306.7956	326.8829
P32754	HPPD_HUMAN	HPD	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	5	only in HeLa	2.86E-02	0	274.1243	1	0	0	0	305.4954	180.6649	355.1831	255.1537
Q96DG6	CMBL_HUMAN	CMBL	Carboxymethylenebutenolidase homolog	4	only in HeLa	2.86E-02	0	68.39055	1	0	0	0	77.8994	74.56199	66.09716	55.00367
P08174	DAF_HUMAN	CD55	Complement decay-accelerating factor	4	only in HeLa	2.86E-02	0	490.213	1	0	0	0	593.8642	567.2735	421.1951	378.5191
P13929	ENOB_HUMAN	ENO3	Beta-enolase	4	only in HeLa	2.86E-02	0	403.2942	1	0	0	0	418.9634	323.4363	477.7635	393.0138

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P33992	MCMS5_HUMAN	MCMS5	DNA replication licensing factor MCMS5	4	only in HeLa	2.86E-02	0	202.5823	1	0	0	0	191.1134	237.1663	198.8957	183.1539
Q9UKS6	PACN3_HUMAN	PACSN3	Protein kinase C and casein kinase substrate in neurons protein 3	4	only in HeLa	2.86E-02	0	117.9871	1	0	0	0	154.8239	137.6822	71.34961	108.0927
P35249	RFC4_HUMAN	RFC4	Replication factor C subunit 4	4	only in HeLa	2.86E-02	0	178.0944	1	0	0	0	176.0036	187.9646	169.7206	178.6888
P31350	RIR2_HUMAN	RRM2	Ribonucleoside-diphosphate reductase subunit M2	4	only in HeLa	2.86E-02	0	166.0882	1	0	0	0	216.5151	192.7296	148.3855	106.7228
Q9LUK3	ACIN1_HUMAN	ACIN1	Apoptotic chromatin condensation inducer in the nucleus	3	only in HeLa	2.86E-02	0	71.38706	1	0	0	0	94.83151	76.16045	56.56064	57.99562
O75534	CSDE1_HUMAN	CSDE1	Cold shock domain-containing protein E1	3	only in HeLa	2.86E-02	0	114.9272	1	0	0	0	101.1894	118.4456	113.1058	126.968
P49366	DHYS_HUMAN	DHPS	Deoxyhypusine synthase	3	only in HeLa	2.86E-02	0	44.1219	1	0	0	0	52.6153	48.85783	50.47668	24.53778
P35754	GLRX1_HUMAN	GLRX	Glutaredoxin-1	3	only in HeLa	2.86E-02	0	81.06078	1	0	0	0	93.8381	92.34258	60.56582	77.49663
Q96R7	HPDL_HUMAN	HPDL	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase-like protein	3	only in HeLa	2.86E-02	0	188.9072	1	0	0	0	173.7088	194.891	145.6005	241.4286
Q9BQ69	MACD1_HUMAN	MACROD1	O-acetyl-ADP-ribose deacetylase MACROD1	3	only in HeLa	2.86E-02	0	64.37532	1	0	0	0	69.64642	30.89843	78.012	78.9441
P11717	MPRL_HUMAN	IGF2R	Cation-independent mannose-6-phosphate receptor	3	only in HeLa	2.86E-02	0	29.72799	1	0	0	0	41.6599	21.55522	19.40771	36.28913
Q9BV20	MINA_HUMAN	MRI1	Methylthioribose-1-phosphate isomerase	3	only in HeLa	2.86E-02	0	111.0356	1	0	0	0	129.4024	115.3705	121.5345	77.8349
P49321	NASP_HUMAN	NASP	Nuclear autoantigenic sperm protein	3	only in HeLa	2.86E-02	0	77.94528	1	0	0	0	69.99511	68.69374	71.15593	101.9363
P15559	NQO1_HUMAN	NQO1	NAD(P)H dehydrogenase [quinone] 1	3	only in HeLa	2.86E-02	0	437.5336	1	0	0	0	401.8071	562.823	370.2665	415.2378
P16083	NQO2_HUMAN	NQO2	Ribosyl(dihydro)nicotinamide dehydrogenase [quinone]	3	only in HeLa	2.86E-02	0	101.748	1	0	0	0	94.88118	92.55774	119.3421	100.2112
Q8NFB3	NUP43_HUMAN	NUP43	Nucleoporin Nup43	3	only in HeLa	2.86E-02	0	84.18986	1	0	0	0	89.43726	83.24728	78.47682	85.59809
Q99567	NUP88_HUMAN	NUP88	Nuclear pore complex protein Nup88	3	only in HeLa	2.86E-02	0	51.18149	1	0	0	0	57.70755	41.9806	33.07182	71.96599
Q08499	PDE4D_HUMAN	PDE4D	cAMP-specific 3,5-cyclic phosphodiesterase 4D	3	only in HeLa	2.86E-02	0	94.73191	1	0	0	0	84.49005	92.13528	124.579	77.72327
Q92626	PXDN_HUMAN	PXDN	Peroxidase homolog	3	only in HeLa	2.86E-02	0	39.21393	1	0	0	0	51.33776	49.39327	51.95894	4.16574
P98179	RBM3_HUMAN	RBM3	RNA-binding protein 3	3	only in HeLa	2.86E-02	0	186.8407	1	0	0	0	119.5874	220.4252	181.558	225.7922
Q14160	SCRIB_HUMAN	SCRIB	Protein scribble homolog	3	only in HeLa	2.86E-02	0	49.68492	1	0	0	0	61.0186	32.95374	48.60256	56.16476
O95816	BAG2_HUMAN	BAG2	BAG family molecular chaperone regulator 2	2	only in HeLa	2.86E-02	0	122.5489	1	0	0	0	102.6398	113.8673	148.1918	125.4965
O95833	CLIC3_HUMAN	CLIC3	Chloride intracellular channel protein 3	2	only in HeLa	2.86E-02	0	66.44582	1	0	0	0	75.22148	61.12878	66.32957	63.10343
O75746	CMC1_HUMAN	SLC25A12	Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aralar1	2	only in HeLa	2.86E-02	0	77.46054	1	0	0	0	100.7423	99.13041	72.84477	37.12464
Q9UJ50	CMC2_HUMAN	SLC25A13	Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aralar2	2	only in HeLa	2.86E-02	0	69.91278	1	0	0	0	102.0139	93.80547	60.08551	23.74624
Q86VU5	COMT1_HUMAN	COMT1	Catechol O-methyltransferase domain-containing protein 1	2	only in HeLa	2.86E-02	0	6.592322	1	0	0	0	8.193697	5.031188	6.007002	7.137403
O60888	CUTA_HUMAN	CUTA	Protein CutA	2	only in HeLa	2.86E-02	0	85.96097	1	0	0	0	63.01239	84.66857	118.2265	77.93638
Q3LXA3	DHAK_HUMAN	DAK	Bifunctional ATP-dependent dihydroxyacetone kinase/FAD-AMP lyase (cycling)	2	only in HeLa	2.86E-02	0	52.39485	1	0	0	0	63.01239	46.62764	48.20166	51.73771
P33316	DUT_HUMAN	DUT	Deoxyuridine 5-triphosphate nucleotidohydrolase, mitochondrial	2	only in HeLa	2.86E-02	0	191.7102	1	0	0	0	191.9379	155.8185	253.7908	165.2935
A62K3	F127A_HUMAN	FAM127A	Protein FAM127A	2	only in HeLa	2.86E-02	0	51.07778	1	0	0	0	31.37208	57.08104	57.49027	58.36772
Q13630	FCL_HUMAN	TSTA3	GDP-L-fucose synthase	2	only in HeLa	2.86E-02	0	76.94919	1	0	0	0	75.30095	73.90079	71.82992	86.76511
Q9COB1	FIO_HUMAN	FIO	Alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase FIO	2	only in HeLa	2.86E-02	0	18.00198	1	0	0	0	14.81382	17.38663	21.26544	18.54022
P34896	GLYC_HUMAN	SHMT1	Serine hydroxymethyltransferase, cytosolic	2	only in HeLa	2.86E-02	0	59.51583	1	0	0	0	66.42974	21.61416	61.68139	88.33804

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q03013	GSTM4_HUMAN	GSTM4	Glutathione S-transferase Mu 4	2	only in HeLa	2.86E-02	0	144.4001	1	0	0	0	86.89412	141.0128	178.4127	171.2807
P84074	HPCA_HUMAN	HPCA	Neuron-specific calcium-binding protein hippocatin	2	only in HeLa	2.86E-02	0	67.84622	1	0	0	0	74.57576	62.90704	88.81128	45.09079
Q8TEK9	IPO4_HUMAN	IPO4	Importin-4	2	only in HeLa	2.86E-02	0	44.12976	1	0	0	0	53.20737	58.50561	17.60112	47.20495
Q9H2U2	IPYR2_HUMAN	PPA2	Inorganic pyrophosphatase 2, mitochondrial	2	only in HeLa	2.86E-02	0	64.43939	1	0	0	0	69.45966	66.22776	59.65168	62.41845
O43813	LANC1_HUMAN	LANCL1	LanC-like protein 1	2	only in HeLa	2.86E-02	0	79.03095	1	0	0	0	52.00534	82.73312	87.80417	93.58116
P42166	LAP2A_HUMAN	TMPO	Lamina-associated polypeptide 2, isoform alpha	2	only in HeLa	2.86E-02	0	79.47907	1	0	0	0	89.72535	86.44683	72.82928	68.91484
Q9UPQ0	LIMC1_HUMAN	LIMCH1	LIM and calponin homology domains-containing protein 1	2	only in HeLa	2.86E-02	0	11.93492	1	0	0	0	13.94558	8.872614	14.61621	10.30526
Q9NR56	MBNL1_HUMAN	MBNL1	Muscleblind-like protein 1	2	only in HeLa	2.86E-02	0	63.52193	1	0	0	0	83.20854	75.56115	68.83184	26.48619
Q9ULC4	MCTS1_HUMAN	MCTS1	Malignant T-cell-amplified sequence 1	2	only in HeLa	2.86E-02	0	51.74488	1	0	0	0	55.64124	58.24034	23.92265	69.1753
Q96DH6	MSI2H_HUMAN	MSI2	RNA-binding protein Musashi homolog 2	2	only in HeLa	2.86E-02	0	78.65971	1	0	0	0	82.14559	79.89381	64.90413	87.69534
O94776	MTA2_HUMAN	MTA2	Metastasis-associated protein MTA2	2	only in HeLa	2.86E-02	0	28.49334	1	0	0	0	28.01434	29.12017	27.02918	29.80965
Q15274	NADC_HUMAN	QPRT	Nicotinate-nucleotide pyrophosphorylase [carboxylating]	2	only in HeLa	2.86E-02	0	43.82438	1	0	0	0	62.67463	21.76808	53.76398	37.09082
Q8N1F7	NUP93_HUMAN	NUP93	Nuclear pore complex protein Nup93	2	only in HeLa	2.86E-02	0	46.60527	1	0	0	0	45.75675	27.37139	63.88927	49.40368
Q9UBU9	NXF1_HUMAN	NXF1	Nuclear RNA export factor 1	2	only in HeLa	2.86E-02	0	39.1908	1	0	0	0	51.46889	48.13081	20.7154	36.44811
Q9BUH6	PAXX_HUMAN	C9orf142	Protein PAXX	2	only in HeLa	2.86E-02	0	44.8589	1	0	0	0	72.22136	51.15679	32.32811	23.72933
Q14432	PDE3A_HUMAN	PDE3A	cGMP-inhibited 3,5-cyclic phosphodiesterase A	2	only in HeLa	2.86E-02	0	57.31712	1	0	0	0	70.03584	62.29791	66.50775	30.42698
O15305	PMM2_HUMAN	PMM2	Phosphomannomutase 2	2	only in HeLa	2.86E-02	0	51.59926	1	0	0	0	62.48588	57.40525	56.09582	30.41007
O15355	PPM1G_HUMAN	PPM1G	Protein phosphatase 1G	2	only in HeLa	2.86E-02	0	60.45735	1	0	0	0	63.92633	77.75204	25.76643	74.38459
Q9UKA9	PTBP2_HUMAN	PTBP2	Polypyrimidine tract-binding protein 2	2	only in HeLa	2.86E-02	0	54.06948	1	0	0	0	49.77015	54.64453	52.63292	59.23029
P35250	RFC2_HUMAN	RFC2	Replication factor C subunit 2	2	only in HeLa	2.86E-02	0	91.29573	1	0	0	0	88.41404	99.56269	84.77511	92.43106
P26447	S10A4_HUMAN	S100A4	Protein S100-A4	2	only in HeLa	2.86E-02	0	795.0964	1	0	0	0	746.9497	762.8817	836.0531	834.5011
Q15393	SF3B3_HUMAN	SF3B3	Splicing factor 3B subunit 3	2	only in HeLa	2.86E-02	0	38.68148	1	0	0	0	51.906	51.0389	31.4682	20.31284
Q9Y3B4	SF3B6_HUMAN	SF3B6	Splicing factor 3B subunit 6	2	only in HeLa	2.86E-02	0	14.31311	1	0	0	0	15.13966	18.65695	2.561149	20.89466
A0M266	SHOT1_HUMAN	KIAA1598	Shoofin-1	2	only in HeLa	2.86E-02	0	23.46519	1	0	0	0	13.70914	25.82892	26.57986	27.74285
O95347	SMC2_HUMAN	SMC2	Structural maintenance of chromosomes protein 2	2	only in HeLa	2.86E-02	0	29.24969	1	0	0	0	38.57237	34.0148	36.60444	7.807168
O60493	SNX3_HUMAN	SNX3	Sorting nexin-3	2	only in HeLa	2.86E-02	0	77.47099	1	0	0	0	47.17734	96.70373	85.30965	80.69324
Q9Y5M8	SRPRB_HUMAN	SRPRB	Signal recognition particle receptor subunit beta	2	only in HeLa	2.86E-02	0	76.58982	1	0	0	0	84.17216	81.84891	73.48002	66.85818
Q02880	TOP2B_HUMAN	TOP2B	DNA topoisomerase 2-beta	2	only in HeLa	2.86E-02	0	51.46703	1	0	0	0	42.37914	51.04872	67.19723	45.24301
Q99536	VAT1_HUMAN	VAT1	Synaptic vesicle membrane protein VAT-1 homolog	2	only in HeLa	2.86E-02	0	63.00823	1	0	0	0	91.23535	85.71981	55.57677	19.50101
P16989	YBOX3_HUMAN	YBX3	Y-box-binding protein 3	2	only in HeLa	2.86E-02	0	43.6007	1	0	0	0	54.20576	48.30765	31.90977	39.9796
P16219	ACADS_HUMAN	ACADS	Short-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	1	only in HeLa	2.86E-02	0	7.404158	1	0	0	0	7.607581	5.28368	10.63659	6.088779
P35611	ADDA_HUMAN	ADD1	Alpha-odducin	1	only in HeLa	2.86E-02	0	6.294514	1	0	0	0	9.119561	3.569284	4.524748	7.964462
P06280	AGAL_HUMAN	GLA	Alpha-galactosidase A	1	only in HeLa	2.86E-02	0	20.86356	1	0	0	0	18.12985	17.17344	26.04532	22.10565

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O43423	AN32C_HUMAN	ANP32C	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member C	1	only in HeLa	2.86E-02	0	97.3765	1	0	0	0	111.4613	107.6778	84.75187	85.61501
P56385	ATP5I_HUMAN	ATP5I	ATP synthase subunit e, mitochondrial	1	only in HeLa	2.86E-02	0	50.39958	1	0	0	0	37.24317	55.94138	46.90016	61.51359
P21127	CD11B_HUMAN	CDK11B	Cyclin-dependent kinase 11B	1	only in HeLa	2.86E-02	0	18.57493	1	0	0	0	14.03697	22.38048	20.90133	16.98093
Q52PR3	CD276_HUMAN	CD276	CD276 antigen	1	only in HeLa	2.86E-02	0	21.53468	1	0	0	0	17.43445	19.46257	24.10857	25.13313
P13987	CD59_HUMAN	CD59	CD59 glycoprotein	1	only in HeLa	2.86E-02	0	131.3274	1	0	0	0	142.4559	164.0711	17.34547	201.4371
Q6P1J9	CDC73_HUMAN	CDC73	Parafibromin	1	only in HeLa	2.86E-02	0	10.38672	1	0	0	0	9.443415	12.23165	7.971633	11.90018
P42771	CDN2A_HUMAN	CDKN2A	Cyclin-dependent kinase inhibitor 2A	1	only in HeLa	2.86E-02	0	29.49215	1	0	0	0	31.5807	37.34338	26.07631	22.96823
Q5T6V5	CI064_HUMAN	C9orf64	UPF0553 protein C9orf64	1	only in HeLa	2.86E-02	0	21.29827	1	0	0	0	22.87838	22.24294	19.89422	20.17754
Q8TCG1	CIP2A_HUMAN	KIAA1524	Protein CIP2A	1	only in HeLa	2.86E-02	0	4.174878	1	0	0	0	2.226246	6.111896	3.003243	5.358126
P10909	CLU5_HUMAN	CLU	Clusterin	1	only in HeLa	2.86E-02	0	29.16044	1	0	0	0	31.04426	32.98125	26.87424	25.74201
P27658	CO8A1_HUMAN	COL8A1	Collagen alpha-1(VIII) chain	1	only in HeLa	2.86E-02	0	23.78854	1	0	0	0	24.29896	22.05627	25.52627	23.27267
Q9H3G5	CPVL_HUMAN	CPVL	Probable serine carboxypeptidase CPVL	1	only in HeLa	2.86E-02	0	26.10122	1	0	0	0	31.84892	20.94609	26.96721	24.64264
O75629	CREG1_HUMAN	CREG1	Protein CREG1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	36.7534	1	0	0	0	48.23036	28.69771	23.57403	46.51151
Q9UBW8	CSN7A_HUMAN	COP57A	COP9 signalosome complex subunit 7a	1	only in HeLa	2.86E-02	0	23.86114	1	0	0	0	23.28568	25.07243	23.35712	23.72933
Q9UMR2	DD19B_HUMAN	DDX19B	ATP-dependent RNA helicase DDX19B	1	only in HeLa	2.86E-02	0	33.62038	1	0	0	0	41.61421	38.56163	29.84908	24.4566
Q9GZR7	DDX24_HUMAN	DDX24	ATP-dependent RNA helicase DDX24	1	only in HeLa	2.86E-02	0	12.68316	1	0	0	0	17.93116	13.27306	10.52039	9.008011
Q86XP3	DDX42_HUMAN	DDX42	ATP-dependent RNA helicase DDX42	1	only in HeLa	2.86E-02	0	14.78646	1	0	0	0	15.62644	14.59938	13.20084	15.7192
Q9UDY4	DNJB4_HUMAN	DNAJB4	DnaJ homolog subfamily B member 4	1	only in HeLa	2.86E-02	0	30.06498	1	0	0	0	33.73442	33.39388	25.23963	27.88999
Q9H3Z4	DNJC5_HUMAN	DNAJC5	DnaJ homolog subfamily C member 5	1	only in HeLa	2.86E-02	0	11.02856	1	0	0	0	16.04367	9.491565	6.418366	12.16065
Q05193	DYN1_HUMAN	DNM1	Dynamin-1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	27.1184	1	0	0	0	28.67993	24.55172	27.01369	28.22826
P00374	DYR_HUMAN	DHFR	Dihydrofolate reductase	1	only in HeLa	2.86E-02	0	53.20871	1	0	0	0	41.09763	54.32032	58.47414	58.94277
Q6P2E9	EDC4_HUMAN	EDC4	Enhancer of mRNA-decapping protein 4	1	only in HeLa	2.86E-02	0	20.38239	1	0	0	0	21.78562	25.28857	15.10659	19.34879
O60869	EDF1_HUMAN	EDF1	Endothelial differentiation-related factor 1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	100.5336	1	0	0	0	98.30847	121.727	94.04823	88.05052
Q9H653	ES8L2_HUMAN	EPS8L2	Epidermal growth factor receptor kinase substrate 8-like protein 2	1	only in HeLa	2.86E-02	0	19.94726	1	0	0	0	16.59005	18.48993	21.70701	23.00206
Q01780	EXOSX_HUMAN	EXOSC10	Exosome component 10	1	only in HeLa	2.86E-02	0	35.28526	1	0	0	0	41.06783	39.31813	27.94333	32.81176
Q9NYL4	FKB11_HUMAN	FKBP11	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP11	1	only in HeLa	2.86E-02	0	28.0009	1	0	0	0	40.92875	25.88787	20.45975	24.72721
Q14254	FLOT2_HUMAN	FLOT2	Flotillin-2	1	only in HeLa	2.86E-02	0	17.94955	1	0	0	0	17.30531	16.8001	19.64632	18.04647
Q9UN86	G3BP2_HUMAN	G3BP2	Ras GTPase-activating protein-binding protein 2	1	only in HeLa	2.86E-02	0	21.67256	1	0	0	0	25.02415	29.49351	2.878775	29.29379
O94925	GLSK_HUMAN	GLS	Glutaminase kidney isoform, mitochondrial	1	only in HeLa	2.86E-02	0	25.26116	1	0	0	0	26.10698	35.71249	3.352114	35.87306
P46439	GSTM5_HUMAN	GSTM5	Glutathione S-transferase Mu 5	1	only in HeLa	2.86E-02	0	56.74894	1	0	0	0	60.92622	61.96388	47.12483	56.98083
Q9NQE9	HINT3_HUMAN	HINT3	Histidine triad nucleotide-binding protein 3	1	only in HeLa	2.86E-02	0	5.204097	1	0	0	0	7.155577	5.983193	2.023509	5.654108
P55795	HNRH2_HUMAN	HNRNP2	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H2	1	only in HeLa	2.86E-02	0	21.86267	1	0	0	0	14.07671	18.53906	27.67218	27.16272
P37235	HPCL1_HUMAN	HPCAL1	Hippocalcin-like protein 1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	45.60021	1	0	0	0	45.93557	39.49497	49.41018	47.56013

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q96CN7	ISOC1_HUMAN	ISOC1	Isochorimatase domain-containing protein 1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	22.12842	1	0	0	0	23.43469	22.67522	23.05499	19.34879
O60256	KPRB_HUMAN	PRPSAP2	Phosphoribosyl pyrophosphate synthase-associated protein 2	1	only in HeLa	2.86E-02	0	37.04816	1	0	0	0	44.43551	43.66061	30.70125	29.39527
Q96RT1	LAP2_HUMAN	ERBB2IP	Protein LAP2	1	only in HeLa	2.86E-02	0	8.258845	1	0	0	0	4.665083	6.689583	14.3319	7.348819
Q9UKM7	MA1B1_HUMAN	MAN1B1	Endoplasmic reticulum mannosyl-oligosaccharide 1,2-alpha-mannosidase	1	only in HeLa	2.86E-02	0	29.1999	1	0	0	0	33.98477	29.40509	26.88974	26.52002
O00754	MA2B1_HUMAN	MAN2B1	Lysosomal alpha-mannosidase	1	only in HeLa	2.86E-02	0	16.70689	1	0	0	0	14.86151	17.79239	17.46167	16.71201
O75439	MPPB_HUMAN	PMPCB	Mitochondrial-processing peptidase subunit beta	1	only in HeLa	2.86E-02	0	30.64279	1	0	0	0	34.26293	32.37212	28.11376	27.82234
Q9BV57	MIND_HUMAN	ADI1	1,2-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase	1	only in HeLa	2.86E-02	0	17.6747	1	0	0	0	22.32206	21.9875	11.67469	14.71455
O75607	NPM3_HUMAN	NPM3	Nucleoplasm-in-3	1	only in HeLa	2.86E-02	0	60.12328	1	0	0	0	67.07546	63.1723	50.16939	60.07596
Q8NFI4	NUP37_HUMAN	NUP37	Nucleoporin Nup37	1	only in HeLa	2.86E-02	0	24.66002	1	0	0	0	22.7393	22.84224	28.41589	24.64264
O15294	OGT1_HUMAN	OGT	UDP-N-acetylglucosamine-peptide N-acetylglucosaminyltransferase 110 kDa subunit	1	only in HeLa	2.86E-02	0	7.259425	1	0	0	0	5.346566	8.477644	8.862535	6.350935
Q8WX09	P66B_HUMAN	GATAD2B	Transcriptional repressor p66-beta	1	only in HeLa	2.86E-02	0	27.01307	1	0	0	0	19.07359	28.4521	28.22222	32.30436
P40424	PBX1_HUMAN	PBX1	Pre-B-cell leukemia transcription factor 1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	18.65382	1	0	0	0	16.30196	16.80992	21.52883	19.97458
Q86TG7	PEG10_HUMAN	PEG10	Retrotransposon-derived protein PEG10	1	only in HeLa	2.86E-02	0	8.143296	1	0	0	0	6.168121	5.791613	10.86125	9.752195
P61758	PDF3_HUMAN	VBP1	Prefoldin subunit 3	1	only in HeLa	2.86E-02	0	52.14073	1	0	0	0	57.01216	54.58559	47.52767	49.43751
O00592	PODXL_HUMAN	PODXL	Podocalyxin	1	only in HeLa	2.86E-02	0	21.17361	1	0	0	0	27.14013	20.35661	18.03495	19.16274
P11117	PPAL_HUMAN	ACP2	Lysosomal acid phosphatase	1	only in HeLa	2.86E-02	0	21.55677	1	0	0	0	21.5174	23.13698	21.14148	20.43124
P10696	PPBN_HUMAN	ALPPL2	Alkaline phosphatase, placental-like	1	only in HeLa	2.86E-02	0	63.36423	1	0	0	0	70.96966	44.32868	73.36382	64.79476
Q9H2H8	PPIL3_HUMAN	PPIL3	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase-like 3	1	only in HeLa	2.86E-02	0	16.45136	1	0	0	0	14.60322	11.76989	24.89877	14.53358
P60891	PRPS1_HUMAN	PRPS1	Ribose-phosphate pyrophosphokinase 1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	43.47558	1	0	0	0	44.86268	36.34127	47.11708	45.58128
Q13636	RAB31_HUMAN	RAB31	Ras-related protein Rab-31	1	only in HeLa	2.86E-02	0	23.74016	1	0	0	0	24.79567	20.49416	27.54823	22.12257
P51151	RAB9A_HUMAN	RAB9A	Ras-related protein Rab-9A	1	only in HeLa	2.86E-02	0	41.323	1	0	0	0	41.18704	42.49148	41.00472	40.60878
O60216	RAD21_HUMAN	RAD21	Double-strand-break repair protein rad21 homolog	1	only in HeLa	2.86E-02	0	28.56231	1	0	0	0	33.82582	30.91808	24.00012	25.50522
Q16576	RBBP7_HUMAN	RBBP7	Histone-binding protein RBBP7	1	only in HeLa	2.86E-02	0	74.05144	1	0	0	0	66.96619	77.77169	80.02621	71.44168
P15927	RFA2_HUMAN	RPA2	Replication protein A 32 kDa subunit	1	only in HeLa	2.86E-02	0	11.68808	1	0	0	0	12.58658	9.293108	11.94583	12.92682
P84095	RHOG_HUMAN	RHOG	Rho-related GTP-binding protein RhoG	1	only in HeLa	2.86E-02	0	14.4776	1	0	0	0	18.15965	14.46184	11.66694	13.62195
P09451	ROA1_HUMAN	HNRNPA1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	67.09957	1	0	0	0	18.41794	85.94542	88.54788	75.46704
O75116	ROCK2_HUMAN	ROCK2	Rho-associated protein kinase 2	1	only in HeLa	2.86E-02	0	21.55357	1	0	0	0	23.60357	25.22962	18.89486	18.48621
P62979	RS27A_HUMAN	RPS27A	Ubiquitin-40S ribosomal protein S27a	1	only in HeLa	2.86E-02	0	47.91216	1	0	0	0	52.39277	52.09996	39.1222	48.0337
O95486	SC24A_HUMAN	SEC24A	Protein transport protein Sec24A	1	only in HeLa	2.86E-02	0	6.348285	1	0	0	0	5.9903	6.98334	5.833469	6.58603
Q9UPN6	SCAF8_HUMAN	SCAF8	Protein SCAF8	1	only in HeLa	2.86E-02	0	9.755103	1	0	0	0	10.3514	10.95445	7.361947	10.35262
O75533	SF3B1_HUMAN	SF3B1	Splicing factor 3B subunit 1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	24.3854	1	0	0	0	28.04414	30.58404	20.63018	18.28325
O75368	SH3L1_HUMAN	SH3BGR1	SH3 domain-binding glutamic acid-rich-like protein	1	only in HeLa	2.86E-02	0	23.59018	1	0	0	0	21.9247	24.75804	27.33131	20.34667
Q14683	SMC1A_HUMAN	SMC1A	Structural maintenance of chromosomes protein 1A	1	only in HeLa	2.86E-02	0	17.60374	1	0	0	0	19.44116	18.21484	16.45457	16.3044

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q96EA4	SPDLY_HUMAN	SPDL1	Protein Spindly	1	only in HeLa	2.86E-02	0	22.00996	1	0	0	0	23.69298	22.26259	19.0653	23.01897
Q98Q70	TCF25_HUMAN	TCF25	Transcription factor 25	1	only in HeLa	2.86E-02	0	8.2994	1	0	0	0	8.502649	8.767491	8.250524	7.676936
Q9BU02	THTPA_HUMAN	THTPA	Thiamine-thiophosphatase	1	only in HeLa	2.86E-02	0	4.542214	1	0	0	0	4.126154	2.753841	4.263933	7.024929
Q8N2U0	TM256_HUMAN	TMEM256	Transmembrane protein 256	1	only in HeLa	2.86E-02	0	25.27058	1	0	0	0	39.04126	24.77769	21.58306	15.6803
Q53HC9	TSSC1_HUMAN	TSSC1	Protein TSSC1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	18.18585	1	0	0	0	20.92135	17.67449	19.05755	15.09003
P04818	TYSY_HUMAN	TYMS	Thymidylate synthase	1	only in HeLa	2.86E-02	0	41.57171	1	0	0	0	45.43886	33.20721	40.19903	47.44174
Q9Y3C8	UFC1_HUMAN	UFC1	Ubiquitin-fold modifier-conjugating enzyme 1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	34.88525	1	0	0	0	34.99805	36.88162	29.08213	38.57918
Q6UW78	UQCC3_HUMAN	UQCC3	Ubiquinol-cytochrome-c reductase complex assembly factor 3	1	only in HeLa	2.86E-02	0	17.69912	1	0	0	0	20.18622	22.41978	12.39515	15.79531
P61421	VADD1_HUMAN	ATP6V0D1	V-type proton ATPase subunit d 1	1	only in HeLa	2.86E-02	0	125.3145	1	0	0	0	147.0256	114.6533	110.9366	128.6424
Q6UXN9	WDR82_HUMAN	WDR82	WD repeat-containing protein 82	1	only in HeLa	2.86E-02	0	21.45416	1	0	0	0	23.45456	20.42538	23.90715	18.02955
Q9UDY2	ZO2_HUMAN	TJP2	Tight junction protein ZO-2	1	only in HeLa	2.86E-02	0	16.77243	1	0	0	0	15.02045	17.62537	18.98008	15.46381

Πίνακας II. Διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές SiHa και HCK1T όπως προκύπτουν από την πρωτεωμική μελέτη με τη μέθοδο GeLC-MS/MS

UniprotID	UniprotAccession	Symbol	Name	#PEPTIDES	Ratio	p-value Mann-Whitney exact 2-tailed	Mean Control	Mean Case	HCK1T_1	HCK1T_2	HCK1T_3	HCK1T_4	SiHa_1	SiHa_2	SiHa_3	SiHa_4
P00918	CAH2_HUMAN	CA2	Carbonic anhydrase 2	6	0.002	2.86E-02	909.0482	2.028956	349.9552	1575.992	1208.224	502.0209	8.115825	0	0	0
P16144	ITB4_HUMAN	ITGB4	Integrin beta-4	12	0.005	2.86E-02	690.1057	3.572305	520.945	797.5068	842.7686	599.2023	0	0	14.28922	0
Q9Y2T3	GUAD_HUMAN	GDA	Guanine deaminase	4	0.006	2.86E-02	163.8243	1.044783	85.27712	194.2279	195.0918	180.7003	4.179133	0	0	0
P48668	K2C6C_HUMAN	KRT6C	Keratin, type II cytoskeletal 6C	17	0.009	2.86E-02	26988.46	231.795	23770.65	26348.35	26704.88	31129.97	239.4567	334.2135	265.4231	88.08695
P13647	K2C5_HUMAN	KRT5	Keratin, type II cytoskeletal 5	20	0.011	2.86E-02	15558.6	169.8479	10369.03	20226.85	18733.05	12905.47	171.319	237.0198	194.6531	76.39976
Q9C0C2	TB182_HUMAN	TNKS1BP1	182 kDa tankyrase-1-binding protein	5	0.013	2.86E-02	139.3522	1.75434	145.5774	95.42901	176.5214	139.8812	0	7.025361	0	0
P19971	TYPH_HUMAN	TYMP	Thymidine phosphorylase	10	0.014	2.86E-02	877.1065	12.60179	306.3143	1178.477	1274.423	749.2114	29.52519	10.5667	0	10.31525
P07858	CATB_HUMAN	CTSB	Cathepsin B	2	0.018	2.86E-02	305.417	5.357151	283.743	362.0278	315.6001	260.2968	11.85077	0	0	9.577838
P11216	PYGB_HUMAN	PYGB	Glycogen phosphorylase, brain form	7	0.019	2.86E-02	470.3496	9.020852	291.632	436.191	555.7562	597.8192	14.75836	0	0	21.32505
P16615	AT2A2_HUMAN	ATP2A2	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2	4	0.021	2.86E-02	225.2865	4.754621	234.5506	173.1432	274.7061	218.7459	0	0	0	19.01848
P08727	K1C19_HUMAN	KRT19	Keratin, type I cytoskeletal 19	18	0.027	2.86E-02	25056.66	686.3373	19228.96	33873.62	31824.53	15299.54	309.9179	550.6262	1066.71	818.0948
P06702	S10A9_HUMAN	S100A9	Protein S100-A9	2	0.038	2.86E-02	121.3726	4.605099	57.26805	116.9522	108.7698	202.5003	18.4204	0	0	0
P05161	ISG15_HUMAN	ISG15	Ubiquitin-like protein ISG15	3	0.038	2.86E-02	301.6423	11.54902	233.5036	299.374	361.0281	312.6636	0	46.19609	0	0
Q14764	MVP_HUMAN	MVP	Major vault protein	16	0.055	2.86E-02	976.0933	53.58156	631.3932	1069.684	1181.606	1021.69	88.473	83.4235	0	42.42974
Q95678	K2C75_HUMAN	KRT75	Keratin, type II cytoskeletal 75	12	0.056	2.86E-02	18862.64	1049.565	15355.23	20720.4	22135.4	17239.51	944.5861	1400.749	1060.1	772.8261
Q56VL3	OCAD2_HUMAN	OCAD2	OCIA domain-containing protein 2	2	0.061	2.86E-02	127.01	7.738642	144.8082	148.2502	129.798	85.18373	13.79199	17.16258	0	0
Q04941	PLP2_HUMAN	PLP2	Proteolipid protein 2	1	0.064	2.86E-02	99.13549	6.34771	99.91067	130.6393	128.2098	37.78219	0	0	25.39084	0
Q14983	AT2A1_HUMAN	ATP2A1	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 1	1	0.067	2.86E-02	73.04338	4.887527	60.18989	85.85033	79.56992	66.5634	0	0	0	19.55011
P12035	K2C3_HUMAN	KRT3	Keratin, type II cytoskeletal 3	2	0.072	2.86E-02	401.3007	28.87202	140.896	110.5437	197.0403	1156.723	39.01937	59.11372	0	17.35501
P08133	ANXA6_HUMAN	ANXA6	Annexin A6	9	0.073	2.86E-02	528.4383	38.56387	515.5666	435.4836	470.632	692.071	21.63316	56.18129	48.39348	28.04754
Q09666	AHNK_HUMAN	AHNK	Neuroblast differentiation-associated protein AHNK	22	0.074	2.86E-02	1483.655	110.0999	2263.158	602.2483	846.6039	2222.61	124.094	159.8629	116.9651	39.4775
Q9Y394	DHRS7_HUMAN	DHRS7	Dehydrogenase/reductase SDR family member 7	2	0.075	2.86E-02	24.93162	1.873777	6.517325	34.04469	36.53757	22.62687	0	1.996209	0	5.498897
Q96AG4	LRC59_HUMAN	LRRC59	Leucine-rich repeat-containing protein 59	7	0.078	2.86E-02	417.3115	32.59805	592.5084	260.5054	302.371	513.8612	23.11662	20.38576	26.25019	60.63963

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9H223	EHD4_HUMAN	EHD4	EH domain-containing protein 4	6	0.084	2.86E-02	218.5508	18.40344	272.5345	134.6554	227.9384	239.075	73.61377	0	0	0
P31150	GDIA_HUMAN	GD1I	Rab GDP dissociation inhibitor alpha	2	0.093	2.86E-02	55.36092	5.150436	45.62939	58.83385	67.76043	49.22003	0	20.60175	0	0
P52943	CRIP2_HUMAN	CRIP2	Cysteine-rich protein 2	2	0.095	2.86E-02	278.5033	26.4424	136.4337	413.0371	336.2734	228.2689	32.33954	46.52007	0	26.90998
Q16658	FSCN1_HUMAN	FSCN1	Fascin	10	0.097	2.86E-02	2972.127	287.0891	3128.64	2603.545	2492.46	3663.841	243.1781	415.3245	206.3343	283.5194
O95571	ETHE1_HUMAN	ETHE1	Persulfide dioxygenase ETHE1, mitochondrial	5	0.107	2.86E-02	539.1377	57.72586	537.8619	405.1877	539.954	473.5471	74.35126	27.03148	75.06336	54.45734
Q07065	CKAP4_HUMAN	CKAP4	Cytoskeleton-associated protein 4	15	0.109	2.86E-02	1116.788	122.1216	1423.593	1030.827	979.4607	1033.269	65.19617	241.6967	73.99084	107.6028
P06396	GELS_HUMAN	GSN	Gelsolin	10	0.110	2.86E-02	1215.057	133.1405	978.0938	1486.991	1515.333	879.8087	79.05597	164.5897	160.5888	128.3276
P04792	HSPB1_HUMAN	HSPB1	Heat shock protein beta-1	12	0.110	2.86E-02	15944.85	1756.05	10579.81	22990.92	20443.17	9845.504	1836.97	1946.275	1768.326	1472.629
P48147	PPCE_HUMAN	PREP	Prolyl endopeptidase	5	0.110	2.86E-02	159.7469	17.64169	166.4799	106.8426	181.6645	184.0007	15.71625	0	22.71286	32.13763
Q6XQ6	PNCB_HUMAN	NAPRT	Nicotinate phosphoribosyltransferase	5	0.114	2.86E-02	162.4308	18.50905	141.1354	145.3154	161.4884	201.7838	11.78295	52.69444	9.556789	0
AA0VT1	UBA6_HUMAN	UBA6	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 6	2	0.115	2.86E-02	25.88532	2.968958	31.426	14.64499	25.69608	31.77422	0	0	0	11.87583
O43464	HTRA2_HUMAN	HTRA2	Serine protease HTRA2, mitochondrial	1	0.120	2.86E-02	16.96345	2.0311	13.78134	20.26525	21.08142	12.72579	0	8.124398	0	0
Q08722	CD47_HUMAN	CD47	Leukocyte surface antigen CD47	1	0.121	2.86E-02	41.04681	4.946296	39.82629	33.13299	37.77087	53.45708	19.78518	0	0	0
Q6I850	TWF2_HUMAN	TWF2	Twinfilin-2	4	0.126	2.86E-02	198.2229	25.04414	158.6518	260.465	201.4535	172.3213	33.19571	0	31.45626	35.5246
O43592	XPO1_HUMAN	XPO1	Exportin-1	1	0.127	2.86E-02	12.08401	1.530088	11.89838	12.62539	15.36743	8.444829	6.120353	0	0	0
P32322	P5CR1_HUMAN	PYCR1	Pyroline-5-carboxylate reductase 1, mitochondrial	1	0.127	2.86E-02	70.23563	8.900923	58.37997	92.71697	90.14612	39.69948	26.62608	0	0	8.977615
P35606	COPB2_HUMAN	COPB2	Coatomer subunit beta	3	0.131	2.86E-02	41.36824	5.409677	21.78393	25.68701	53.37786	64.62416	5.403203	16.2355	0	0
P06737	PYGL_HUMAN	PYGL	Glycogen phosphorylase, liver form	4	0.133	2.86E-02	324.5795	43.07868	127.3597	307.0785	418.2212	445.6586	28.54695	89.22716	19.98492	34.55567
A5A3E0	POTEF_HUMAN	POTEF	POTE ankyrin domain family member F	1	0.134	2.86E-02	62.85827	8.453575	56.92717	80.94559	62.23276	51.32758	7.739449	0	18.24623	7.828618
P20645	MPRD_HUMAN	M6PR	Cation-dependent mannose-6-phosphate receptor	1	0.137	2.86E-02	22.28716	3.054956	17.39306	25.13537	19.03183	27.58839	0	12.21983	0	0
Q66HE7	ERO1A_HUMAN	ERO1L	ERO1-like protein alpha	8	0.141	2.86E-02	931.8649	130.9394	1072.632	942.5879	956.7644	755.4756	170.2594	159.8712	33.50472	160.1222
Q6P9B6	TLDC1_HUMAN	TLDC1	TLD domain-containing protein 1	1	0.142	2.86E-02	37.66805	5.355308	39.50976	35.76424	43.06784	32.33038	21.42123	0	0	0
Q16822	PCKGM_HUMAN	PCK2	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP], mitochondrial	7	0.142	2.86E-02	554.6059	79.00056	246.2028	838.4689	867.2128	266.539	39.4856	165.9437	57.97625	52.59665
P07195	LDHB_HUMAN	LDHB	L-lactate dehydrogenase B chain	13	0.147	2.86E-02	3092.226	455.3156	3237.235	2991.797	2955.765	3184.104	229.9116	1113.674	241.4378	236.239
P09382	LEG1_HUMAN	LGALS1	Galectin-1	8	0.148	2.86E-02	4293.022	634.4605	5197.822	4149.256	3790.502	4034.506	680.8121	991.9109	495.0005	370.1187
P53992	SC24C_HUMAN	SEC24C	Protein transport protein Sec24C	2	0.150	2.86E-02	56.66279	8.499581	45.4346	60.10331	64.45093	56.66231	0	0	0	33.99832
Q15418	K56A1_HUMAN	RPS6KA1	Ribosomal protein S6 kinase alpha-1	1	0.154	2.86E-02	17.20554	2.656213	18.05859	14.8758	17.46137	18.42641	0	10.62485	0	0
Q9P2E9	RRBP1_HUMAN	RRBP1	Ribosome-binding protein 1	5	0.155	2.86E-02	148.6142	22.97884	262.0825	80.00388	100.9637	151.4069	51.78564	0	40.12972	0
P42224	STAT1_HUMAN	STAT1	Signal transducer and activator of transcription 1-alpha/beta	9	0.155	2.86E-02	604.9056	94.0092	635.216	601.3562	558.4327	624.6173	107.6317	77.25987	93.67931	97.46586
P53634	CATC_HUMAN	CTSC	Dipeptidyl peptidase 1	2	0.157	2.86E-02	139.0625	21.78551	144.7771	162.9991	141.6696	106.8044	28.8979	0	32.00585	26.2383
Q98ZK7	TBL1R_HUMAN	TBL1XR1	F-box-like/WD repeat-containing protein TBL1XR1	1	0.157	2.86E-02	16.67238	2.621687	18.74035	15.42975	19.24478	13.27463	0	0	0	10.48675
P31947	I433S_HUMAN	SFN	14-3-3 protein sigma	7	0.159	2.86E-02	1276.976	203.5517	1520.377	945.4348	880.2828	1761.808	212.8815	183.8457	262.2621	155.2176
P15924	DESP_HUMAN	DSP	Desmoplakin	19	0.166	2.86E-02	724.8372	120.5897	995.706	404.436	589.1413	910.0657	128.0781	177.7814	29.32454	147.1746

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q14914	PTGR1_HUMAN	PTGR1	Prostaglandin reductase 1	1	0.167	2.86E-02	37.55211	6.288517	30.54134	43.00018	46.46607	30.20087	0	25.15407	0	0
P11233	RALA_HUMAN	RALA	Ras-related protein Ral-A	1	0.168	2.86E-02	70.23209	11.81928	72.54277	60.2995	59.10072	88.98537	25.35454	21.92258	0	0
O14773	TPP1_HUMAN	TPP1	Tripeptidyl-peptidase 1	4	0.170	2.86E-02	200.8813	34.10943	149.0868	299.7202	247.0501	107.6679	36.88318	54.02974	36.55575	8.969041
P07951	TPM2_HUMAN	TPM2	Tropomyosin beta chain	2	0.171	2.86E-02	77.189	13.2234	76.92553	65.75819	78.63829	87.43398	0	36.31888	0	16.57472
Q99453	CHP1_HUMAN	CHP1	Calcineurin B homologous protein 1	1	0.172	2.86E-02	25.1235	4.324237	28.8207	23.6351	29.54592	18.49227	0	0	17.29695	0
Q9UJZ1	STIML2_HUMAN	STOML2	Stomatolitin-like protein 2, mitochondrial	8	0.174	2.86E-02	521.2361	90.63313	473.833	617.9577	503.1999	489.9537	82.87907	74.75775	97.90946	106.9862
Q9PULV4	COR1C_HUMAN	CORO1C	Coronin-1C	4	0.179	2.86E-02	230.6822	41.18554	264.183	174.2119	186.1304	298.2034	17.89483	40.96258	31.9459	73.93885
P36952	SPB5_HUMAN	SERPINB5	Serpin B5	12	0.180	2.86E-02	3113.227	561.3576	2793.359	2288.911	2163.383	5207.254	448.2692	676.6178	575.8155	544.7277
P30837	ALIB1_HUMAN	ALDH1B1	Aldehyde dehydrogenase X, mitochondrial	4	0.181	2.86E-02	151.5883	27.43797	131.637	163.8069	183.8857	127.0237	25.4393	55.74101	11.85106	16.72049
Q9UHA4	LTOR3_HUMAN	LAMTOR3	Regulator complex protein LAMTOR3	2	0.188	2.86E-02	76.00605	14.31473	40.91386	113.2361	88.68213	61.19208	20.58202	19.33906	0	17.33786
P19525	E2AK2_HUMAN	EIF2AK2	Interferon-induced, double-stranded RNA-activated protein kinase	5	0.196	2.86E-02	214.1786	41.87431	152.1791	215.4394	208.2943	280.8015	39.61275	74.22443	21.45381	32.20623
Q9BYD6	RM01_HUMAN	MRLP1	39S ribosomal protein L1, mitochondrial	1	0.201	2.86E-02	24.29756	4.891814	23.05818	27.00494	23.63674	23.49038	0	0	0	19.56726
P60903	S10AA_HUMAN	S100A10	Protein S100-A10	2	0.204	2.86E-02	2726.276	555.4777	2862.915	2942.731	2809.11	2290.349	664.6771	713.6677	181.2632	662.3028
Q9BYM8	HOIL1_HUMAN	RBCK1	RanBP-type and C3HC4-type zinc finger-containing protein 1	1	0.205	2.86E-02	35.19548	7.210571	33.4767	28.65525	35.77452	42.87543	7.242135	11.69647	0	9.903673
O75367	H2AY_HUMAN	H2AFY	Core histone macro-H2A.1	2	0.206	2.86E-02	95.28593	19.6416	29.25897	100.0683	135.9379	115.8786	22.40456	16.85522	18.49604	20.81058
Q9YK55	UCHL5_HUMAN	UCHL5	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase isozyme L5	1	0.212	2.86E-02	19.23072	4.074426	21.99496	20.8192	17.66545	16.44327	0	0	16.2977	0
O00151	PD1L1_HUMAN	PDIM1	PDZ and LIM domain protein 1	14	0.217	2.86E-02	2019.377	437.5281	1772.444	2630.189	2390.052	1284.821	307.1535	240.3011	714.5309	488.1267
Q5VT79	AXA81_HUMAN	ANXA8L1	Annexin A8-like protein 1	8	0.219	2.86E-02	632.1484	138.426	683.3208	657.2472	738.7812	449.2444	141.4039	127.5896	126.2347	158.4759
Q14533	KRT81_HUMAN	KRT81	Keratin, type II cuticular Hb 1	1	0.226	2.86E-02	1.205268	0.272293	1.314828	1.098432	1.446242	0.961569	0	0.365016	0.724154	0
Q9GZ79	UBA5_HUMAN	UBA5	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 5	1	0.226	2.86E-02	26.41312	5.972845	25.85016	28.51676	24.8168	26.46876	0	23.89138	0	0
P21964	COMT_HUMAN	COMT	Catechol O-methyltransferase	2	0.227	2.86E-02	99.00547	22.51193	87.75257	110.1663	108.2907	89.81229	29.35565	60.69208	0	0
P35080	PROF2_HUMAN	PFN2	Profilin-2	3	0.230	2.86E-02	165.1873	38.07502	163.1117	201.7783	160.9011	134.9581	59.19449	56.44712	0	36.65845
Q15738	NSDHL_HUMAN	NSDHL	Sterol-4-alpha-carboxylate 3-dehydrogenase, decarboxylating	3	0.234	2.86E-02	123.57	28.951	114.9446	130.3162	131.7943	117.2251	31.38164	33.25354	25.53074	25.63808
Q8WVM8	SCFD1_HUMAN	SCFD1	Sec1 family domain-containing protein 1	2	0.235	2.86E-02	59.55258	13.97428	29.6242	66.71606	72.32097	69.54909	27.60092	0	0	28.29621
Q9UHB6	LIMA1_HUMAN	LIMA1	LIM domain and actin-binding protein 1	7	0.241	2.86E-02	554.2271	133.809	793.2956	431.8598	360.4691	631.2839	150.8184	0	219.2945	165.123
Q86Y46	K2C73_HUMAN	KRT73	Keratin, type II cytoskeletal 73	5	0.245	2.86E-02	1518.803	372.6335	1378.142	1548.514	1426.11	1722.445	325.2349	580.4708	342.8013	242.0269
Q9Y371	SHLB1_HUMAN	SH3GLB1	Endophilin-B1	2	0.249	2.86E-02	48.2893	12.00365	46.72508	53.35554	51.4525	41.62408	19.36134	15.54269	0	13.11058
Q96J6	GMPPA_HUMAN	GMPPA	Mannose-1-phosphate guanylyltransferase alpha	2	0.249	2.86E-02	56.46471	14.04591	48.04802	59.86096	62.68527	55.2646	19.7428	14.68705	0	21.75378
P00390	GSHR_HUMAN	GSR	Glutathione reductase, mitochondrial	3	0.250	2.86E-02	127.6489	31.90956	83.99476	155.8785	153.9582	116.764	11.86348	41.48178	19.29544	54.99754
P48449	ERG7_HUMAN	LSS	Lanosterol synthase	4	0.252	2.86E-02	86.68122	21.81466	70.01376	31.81736	117.2334	127.6603	11.64732	29.06674	22.67289	23.87171
O00505	IMA4_HUMAN	KPNA3	Importin subunit alpha-4	3	0.252	2.86E-02	87.69984	22.08173	94.36729	91.03205	61.64717	103.7528	15.42804	19.01508	30.88669	22.9971
Q96FQ6	S10AG_HUMAN	S100A16	Protein S100-A16	2	0.260	2.86E-02	194.8585	50.64705	276.195	120.7259	161.0741	221.4389	36.17111	75.3459	26.41007	64.66112
O60568	PLOD3_HUMAN	PLOD3	Procollagen-lysine 2-oxoglutarate 5-dioxygenase 3	6	0.262	2.86E-02	312.4197	81.96971	299.0989	308.6411	358.5615	283.3774	49.52512	67.87777	117.3814	93.09453

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P11021	GRP78_HUMAN	HSPA5	78 kDa glucose-regulated protein	27	0.266	2.86E-02	19019.87	5062.712	16483.46	20593	21161.26	17841.77	5161.136	5226.295	5806.239	4057.179
P61019	RAB2A_HUMAN	RAB2A	Ras-related protein Rab-2A	3	0.267	2.86E-02	196.8775	52.60181	244.1197	193.5123	126.7192	223.1586	43.02896	91.51163	39.39028	36.47639
Q9Y446	PKP3_HUMAN	PKP3	Plakophilin-3	7	0.270	2.86E-02	174.9417	47.20641	234.6156	137.1586	195.5837	132.4089	43.65625	25.34513	73.80431	46.01992
Q9H299	SH3L3_HUMAN	SH3BGL3	SH3 domain-binding glutamic acid-rich-like protein 3	2	0.280	2.86E-02	156.836	43.89561	183.2318	108.2102	120.3176	215.5846	38.1971	56.53019	39.82995	41.02522
Q13126	MTAP_HUMAN	MTAP	S-methyl-5-thioadenosine phosphorylase	4	0.281	2.86E-02	492.2638	138.0895	525.8661	455.3911	398.0359	589.7623	132.2742	149.6783	124.7059	145.6998
Q9NZM1	MYOF_HUMAN	MYOF	Myoferlin	3	0.289	2.86E-02	124.942	36.08536	118.5293	82.65359	141.4921	157.0928	24.84592	74.1829	13.86953	31.44309
Q9H0E2	TOLLIP_HUMAN	TOLLIP	Toll-interacting protein	1	0.299	2.86E-02	35.42588	10.59619	29.48623	46.22	40.32619	25.67111	21.65011	20.73466	0	0
P30480	IB42_HUMAN	HLA-B	HLA class I histocompatibility antigen, B-42 alpha chain	2	0.308	2.86E-02	183.3749	56.4331	174.0929	239.3977	213.9728	106.036	64.44172	62.14583	55.02848	44.11636
O40502	OGA_HUMAN	MGEA5	Protein O-GlcNAcase	2	0.309	2.86E-02	33.05898	10.22983	48.14542	30.7614	20.79749	32.53162	15.65691	13.0007	0	12.26169
P07384	CAN1_HUMAN	CAPN1	Calpain-1 catalytic subunit	6	0.312	2.86E-02	311.3787	97.05455	214.5766	250.7074	433.8903	346.3404	18.54472	67.20489	99.64481	202.8238
P55145	MANF_HUMAN	MANF	Mesencephalic astrocyte-derived neurotrophic factor	5	0.315	2.86E-02	706.3399	222.3009	594.0748	814.1183	767.4487	649.7176	243.3137	213.4025	241.3079	191.1795
A6NMY6	AXA2L_HUMAN	ANXA2P2	Putative annexin A2-like protein	15	0.325	2.86E-02	17616.06	5731.926	19557.76	14888.8	16384.99	19432.71	5321.409	7257.332	5419.028	4929.934
P04899	GNAI2_HUMAN	GNAI2	Guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha-2	4	0.328	2.86E-02	219.1326	71.95606	194.3889	234.7007	278.3173	169.1234	79.56458	82.94695	59.18534	66.12738
O95573	ACS3L3_HUMAN	ACS3L3	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase 3	2	0.341	2.86E-02	74.248	25.30273	43.02728	73.12108	89.96867	90.82948	18.86967	34.57438	28.68835	19.0785
Q15435	PPP1R7_HUMAN	PPP1R7	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 7	1	0.342	2.86E-02	22.19431	7.592525	24.04836	21.84631	23.76096	19.12161	17.96264	0	0	12.40746
O60716	CTND1_HUMAN	CTNND1	Catenin delta-1	11	0.345	2.86E-02	361.1852	124.6237	339.7774	477.3528	429.1789	198.4315	145.6847	105.0315	115.9525	131.826
P10768	ESTD_HUMAN	ESD	S-formylglutathione hydrolase	2	0.361	2.86E-02	175.8742	63.50905	173.5978	193.1315	184.2849	152.4826	67.62905	51.92803	69.21777	65.26135
Q96G03	PGM2_HUMAN	PGM2	Phosphoglucosmutase-2	1	0.365	2.86E-02	10.18422	3.71687	9.51221	10.89776	13.81472	6.512178	4.28399	5.52592	0	5.058162
P07355	ANXA2_HUMAN	ANXA2	Annexin A2	5	0.373	2.86E-02	6557.26	2449.084	7389.818	4330.831	5550.286	8958.105	1863.91	3190.031	2458.978	2283.418
P56192	SYM_C_HUMAN	MARS	Methionine--tRNA ligase, cytoplasmic	6	0.374	2.86E-02	308.1036	115.3242	311.9469	272.8769	316.6471	330.9436	88.81293	120.6697	87.10428	164.7097
P14324	FPPS_HUMAN	FDP5	Farnesyl pyrophosphate synthase	3	0.375	2.86E-02	357.9902	134.1954	446.7979	318.5775	260.5897	405.9958	153.3564	134.119	115.9625	133.3437
Q9Y6E0	STK24_HUMAN	STK24	Serine/threonine-protein kinase 24	5	0.383	2.86E-02	145.692	55.80125	129.9731	148.7453	154.5358	149.5137	52.90375	42.73699	82.0331	45.53117
O75369	FLNB_HUMAN	FLNB	Filamin-B	49	0.392	2.86E-02	5466.13	2144.684	6282.985	4255.891	3954.602	7371.04	1764.149	3522.69	1555.06	1736.836
P39656	OST48_HUMAN	DDOST	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 48 kDa subunit	4	0.395	2.86E-02	255.7064	100.9625	317.8149	207.1187	266.2593	231.6327	105.7499	160.3863	59.17035	78.54342
Q01518	CAP1_HUMAN	CAP1	Adenylyl cyclase-associated protein 1	7	0.396	2.86E-02	1327.15	526.0323	1212.717	1422.346	1389.528	1284.009	546.695	570.1035	462.0014	525.3294
P09211	GSTP1_HUMAN	GSTP1	Glutathione S-transferase P	9	0.400	2.86E-02	8371.999	3348.213	7886.937	9132.299	8343.503	8125.257	3437.977	3468.246	3324.821	3161.81
Q99439	CNN2_HUMAN	CNN2	Calponin-2	1	0.402	2.86E-02	164.7228	66.29789	195.9255	159.3753	175.2348	128.3555	95.45037	94.86772	0	74.87348
P29590	PML_HUMAN	PML	Protein PML	3	0.411	2.86E-02	154.1982	63.35043	124.235	188.8153	187.6299	116.1127	95.97594	55.17613	58.11615	44.13351
P41252	SYIC_HUMAN	IARS	Isoleucine--tRNA ligase, cytoplasmic	9	0.414	2.86E-02	282.7554	117.0845	233.252	236.501	363.5479	297.7205	128.7139	161.5326	73.8243	104.2672
Q9UNZ2	NSFL1_C_HUMAN	NSFL1C	NSFL1 cofactor p47	4	0.421	2.86E-02	151.8877	63.9788	164.2479	174.8512	139.6644	128.7873	51.33636	105.8082	68.82807	29.94253
O43324	MCA3_HUMAN	EEF1E1	Eukaryotic translation elongation factor 1 epsilon-1	2	0.425	2.86E-02	112.5361	47.84738	76.70639	130.9509	118.6539	123.8331	46.9114	47.47539	51.11143	45.89131
Q969H8	MYDGF_HUMAN	MYDGF	Myeloid-derived growth factor	2	0.437	2.86E-02	279.6331	122.1403	248.0317	293.3614	254.2014	322.9379	87.86351	139.6516	184.5607	76.48551
P18031	PTN1_HUMAN	PTPN1	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 1	4	0.438	2.86E-02	174.2418	76.26889	148.3402	135.8095	181.0021	231.8157	70.51969	81.79225	73.77433	78.9893

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q96KP4	CNDP2_HUMAN	CNDP2	Cytosolic non-specific dipeptidase	7	0.438	2.86E-02	550.4284	241.06	528.8448	603.5374	615.3449	453.9864	282.1466	291.4649	176.5035	214.1251
O15173	PGRMC2_HUMAN	PGRMC2	Membrane-associated progesterone receptor component 2	2	0.450	2.86E-02	89.04548	40.03789	86.85167	103.9344	101.9645	63.43135	34.10274	54.4534	56.84711	14.74833
Q9BPX5	ARF5L_HUMAN	ARPC5L	Actin-related protein 2/3 complex subunit 5-like protein	1	0.450	2.86E-02	64.71788	29.13311	74.63676	61.0958	59.76617	63.37281	31.74615	27.7459	31.13651	25.90389
P55265	DSRAD_HUMAN	ADAR	Double-stranded RNA-specific adenosine deaminase	1	0.451	2.86E-02	45.19399	20.39234	38.86858	46.86627	49.9264	45.1147	30.80521	22.82806	0	27.93608
Q15758	AAAT_HUMAN	SLC1A5	Neutral amino acid transporter B[0]	3	0.451	2.86E-02	236.3492	106.6998	309.788	235.2892	232.4989	167.8208	118.1516	118.9003	68.76811	120.9792
O75608	LYPA1_HUMAN	LYPLA1	Acyl-protein thioesterase 1	3	0.455	2.86E-02	172.9332	78.61333	186.8678	199.9866	161.9791	142.8991	113.0739	80.09759	51.08146	70.20032
O00299	CLIC1_HUMAN	CLIC1	Chloride intracellular channel protein 1	7	0.474	2.86E-02	1851.445	878.3355	2335.207	1429.335	1263.696	2377.541	897.3607	732.1345	995.7487	888.0979
QBWUD1	RAB2B_HUMAN	RAB2B	Ras-related protein Rab-2B	4	0.476	2.86E-02	209.8073	99.79557	154.7114	271.1689	156.9306	256.4184	90.02513	106.4977	93.9591	108.7003
P00367	DHE3_HUMAN	GLUD1	Glutamate dehydrogenase 1, mitochondrial	6	0.479	2.86E-02	600.3121	287.4408	361.3828	808.348	813.8793	417.6385	265.1164	345.7106	240.4885	298.4478
P26006	ITGA3_HUMAN	ITGA3	Integrin alpha-3	2	0.483	2.86E-02	99.96486	48.2569	110.2507	97.62172	95.64716	96.33984	66.02691	63.11777	33.67459	30.20835
P02533	K1C14_HUMAN	KRT14	Keratin, type I cytoskeletal 14	14	0.485	2.86E-02	12299.91	5971.418	8541.273	15451.8	14236.33	10970.22	5380.16	7464.685	6053.952	4986.877
P34897	GLYM_HUMAN	SHMT2	Serine hydroxymethyltransferase, mitochondrial	13	0.490	2.86E-02	1255.633	615.0311	1180.718	1088.415	1499.862	1253.538	700.1005	687.3922	386.2685	686.3631
P63104	I43Z_HUMAN	YWHAZ	14-3-3 protein zeta/delta	10	0.491	2.86E-02	9843.215	4835.347	10415.62	9823.104	8724.854	10409.29	4888.822	4536.547	5372.672	4543.345
P37802	TAGL2_HUMAN	TAGLN2	Transgelin-2	10	0.497	2.86E-02	2511.199	1249.174	2997.312	2376.724	2313.277	2357.483	1474.259	1417.259	1003.598	1101.58
P04843	RPN1_HUMAN	RPN1	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 1	7	0.499	2.86E-02	487.8265	243.293	504.5286	381.6756	505.4305	559.6711	240.8045	315.3562	112.3552	304.6558
Q9Y678	COPG1_HUMAN	COPG1	Coatomer subunit gamma-1	10	0.499	2.86E-02	355.8155	177.5544	391.2586	300.0434	398.8504	333.1097	164.2959	260.3919	24.32165	261.2083
O60684	IMA7_HUMAN	KPNA6	Importin subunit alpha-7	2	2.003	2.86E-02	8.475957	16.97436	13.6458	9.637149	3.318371	7.302508	16.63176	18.02985	17.06412	16.17171
P14678	RSMB_HUMAN	SNRPB	Small nuclear ribonucleoprotein-associated proteins B and B	3	2.013	2.86E-02	159.6276	321.3384	216.6219	61.69591	172.9279	187.2644	333.0167	383.7075	263.9508	304.6787
Q9UQ80	PA2G4_HUMAN	PA2G4	Proliferation-associated protein 2G4	7	2.031	2.86E-02	331.3826	673.044	311.3195	345.639	339.9112	328.6607	498.4849	448.8531	839.6185	905.2197
Q9Y5L4	TIM13_HUMAN	TIMM13	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim13	1	2.040	2.86E-02	24.22083	49.4012	28.36619	33.13299	35.38413	0	55.37987	44.1193	56.52735	41.57828
Q15637	SF01_HUMAN	SF1	Splicing factor 1	1	2.042	2.86E-02	28.66651	58.54051	35.84934	22.56182	27.2834	28.97147	54.84582	62.51135	64.61125	52.19364
P13010	XRCC5_HUMAN	XRCC5	X-ray repair cross-complementing protein 5	15	2.047	2.86E-02	484.4035	991.7706	439.9316	494.4328	652.6011	350.6485	964.3076	984.2899	804.389	1214.096
Q15046	SYK_HUMAN	KARS	Lysine--tRNA ligase	6	2.054	2.86E-02	265.2301	544.7208	318.6753	145.2843	224.62	372.3408	489.0857	644.6187	424.2998	620.8788
Q9Y6B6	SAR1B_HUMAN	SAR1B	GTP-binding protein SAR1b	1	2.059	2.86E-02	136.4573	280.9274	193.5718	175.0705	177.1868	0	288.8094	253.119	309.9661	271.8151
P00338	LDHA_HUMAN	LDHA	L-lactate dehydrogenase A chain	18	2.062	2.86E-02	3878.967	7998.238	4479.643	3462.366	3536.903	4036.957	7885.506	681.653	7848.735	9442.182
Q8TAA3	PSA7L_HUMAN	PSMA8	Proteasome subunit alpha type-7-like	5	2.064	2.86E-02	451.3829	931.8291	408.5705	428.0976	400.1476	568.716	939.0757	780.6234	998.9862	1008.631
P61964	WDR5_HUMAN	WDR5	WD repeat-containing protein 5	1	2.073	2.86E-02	8.84264	18.33506	10.10469	8.699285	7.953443	8.61314	17.20819	18.25913	16.24774	21.62516
P11177	ODPB_HUMAN	PDHB	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial	4	2.075	2.86E-02	158.6199	329.153	76.07333	259.109	247.9551	51.34222	378.6565	290.4182	349.1665	298.3707
Q02790	FKBP4_HUMAN	FKBP4	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP4	11	2.081	2.86E-02	383.3812	797.9454	442.407	313.9382	294.6607	482.5188	828.2651	590.5889	866.9858	905.9417
Q99961	SH3G1_HUMAN	SH3GL1	Endophilin-A2	2	2.088	2.86E-02	42.28117	88.27965	48.19411	39.18025	43.65344	38.09686	78.58126	79.19211	115.5728	79.77244
Q06830	PRDX1_HUMAN	PRDX1	Peroxiredoxin-1	9	2.088	2.86E-02	2535.92	5295.23	2385.876	2892.645	2638.46	2226.698	5515.234	3988.625	6480.48	5196.582
P57721	PCBP3_HUMAN	PCBP3	Poly(C)-binding protein 3	2	2.095	2.86E-02	304.2613	637.3121	381.4623	303.2517	284.4749	247.8565	697.9067	559.7361	687.1815	604.4242
P07108	ACBP_HUMAN	DBI	Acyl-CoA-binding protein	3	2.101	2.86E-02	92.04018	193.4054	131.848	41.90382	79.52556	114.8833	200.0389	144.7356	249.132	179.7152

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P55769	NH2L1_HUMAN	NHP2L1	NHP2-like protein 1	3	2.112	2.86E-02	141.2638	298.3644	116.0457	175.5783	159.7698	113.6612	263.0904	260.2632	373.2684	296.8358
P54709	AT1B3_HUMAN	ATP1B3	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-3	4	2.117	2.86E-02	123.9364	262.4036	198.0195	117.5523	112.2568	67.91721	283.2401	253.7005	274.7627	237.9111
O43765	SGTA_HUMAN	SGTA	Small glutamine-rich tetrapeptide repeat-containing protein alpha	2	2.122	2.86E-02	48.46705	102.8573	75.95159	31.7135	17.65657	68.54654	104.6224	92.89892	116.7919	97.11602
Q14651	PLS1_HUMAN	PLS1	Plastin-1	1	2.123	2.86E-02	9.650986	20.49331	9.276839	10.39806	9.17432	9.754729	28.0502	11.3725	17.3669	25.18363
P20700	LMNB1_HUMAN	LMNB1	Lamin-B1	9	2.158	2.86E-02	302.184	652.124	324.1294	357.6078	315.1122	211.8867	716.1761	492.5534	172.5592	647.2075
P49588	SYAC_HUMAN	AARS	Alanine-tRNA ligase, cytoplasmic	17	2.159	2.86E-02	1000.371	2159.534	1073.906	1200.485	667.3268	1059.767	1929.798	2146.396	2310.666	2251.275
Q15366	PCBP2_HUMAN	PCBP2	Poly(C)-binding protein 2	5	2.170	2.86E-02	580.3501	1259.303	787.8415	556.8789	512.573	464.107	1392.635	1244.777	1148.373	1251.427
Q15717	ELAV1_HUMAN	ELAVL1	ELAV-like protein 1	7	2.171	2.86E-02	249.8366	542.4975	315.2583	261.5902	241.0876	181.4101	586.3925	434.8381	624.0191	524.7403
P28331	NDU51_HUMAN	NDUFS1	NADH-ubiquinone oxidoreductase 75 kDa subunit, mitochondrial	5	2.174	2.86E-02	90.89088	197.6156	133.731	153.5012	76.33141	0	182.4916	245.1275	198.0905	164.7525
P62491	RB11A_HUMAN	RAB11A	Ras-related protein Rab-11A	3	2.191	2.86E-02	140.3935	307.5679	161.3707	4.715479	153.2333	242.2544	288.0482	290.5012	359.9284	291.7939
Q9BRA2	TXD17_HUMAN	TXNDC17	Thioredoxin domain-containing protein 17	4	2.193	2.86E-02	207.7453	455.5924	229.4455	204.926	207.1498	189.4598	432.9683	438.2191	509.6754	441.5066
Q15691	MARE1_HUMAN	MAPRE1	Microtubule-associated protein RP/EB family member 1	5	2.194	2.86E-02	334.7212	734.5056	446.6194	287.3372	294.0574	310.8707	757.4826	524.0984	917.8075	738.6339
Q13242	SRSF9_HUMAN	SRSF9	Serine/arginine-rich splicing factor 9	3	2.215	2.86E-02	101.1651	224.0507	120.9317	109.3931	85.20405	89.13173	254.9525	144.1291	280.8181	216.3031
P43487	RANG_HUMAN	RANBP1	Ran-specific GTPase-activating protein	3	2.225	2.86E-02	180.5105	401.6614	309.1549	147.1192	115.0783	150.6897	478.676	323.4059	408.9914	395.5724
Q96PK6	RBM14_HUMAN	RBM14	RNA-binding protein 14	4	2.227	2.86E-02	126.9667	282.7548	151.6353	113.7785	123.179	119.2741	295.7605	249.0984	293.1488	293.0115
P28074	PSB5_HUMAN	PSMB5	Proteasome subunit beta type-5	3	2.235	2.86E-02	54.99797	122.9413	75.82173	29.47463	27.5762	87.11931	91.12713	144.2953	101.1337	155.209
P05783	K1C18_HUMAN	KRT18	Keratin, type I cytoskeletal 18	18	2.236	2.86E-02	1825.533	4082.325	2029.008	1778.556	1744.711	1749.858	4416.004	3014.143	4553.18	4345.974
P00491	PNPH_HUMAN	PNP	Purine nucleoside phosphorylase	11	2.255	2.86E-02	399.3662	900.4474	436.7094	277.0649	411.8595	471.831	945.8318	1094.958	546.1179	1014.882
Q92973	TNPO1_HUMAN	TNPO1	Transportin-1	7	2.255	2.86E-02	138.8385	313.1238	103.2627	96.43304	154.1534	201.505	302.381	221.5075	363.8255	364.781
P10809	CH60_HUMAN	HSPD1	60 kDa heat shock protein, mitochondrial	33	2.261	2.86E-02	4952.278	11195.72	2925.439	6356.619	6318.755	4208.301	10632.97	8711.056	14133.85	11305.02
P21399	ACOC_HUMAN	ACO1	Cytoplasmic aconitate hydratase	6	2.268	2.86E-02	73.53142	166.7917	89.04846	55.037	65.53339	84.50683	199.1573	174.4835	116.2203	177.3058
P20618	PSB1_HUMAN	PSMB1	Proteasome subunit beta type-1	5	2.268	2.86E-02	196.8294	446.4837	231.1824	197.1592	217.9833	140.9928	455.5695	359.4938	521.3286	449.5427
P62258	I433E_HUMAN	YWHAE	14-3-3 protein epsilon	6	2.272	2.86E-02	757.1935	1720.518	916.8731	601.3101	730.4468	780.1441	1987.139	1459.924	1557.565	1877.445
Q14498	RBM39_HUMAN	RBM39	RNA-binding protein 39	3	2.273	2.86E-02	54.31263	123.4372	51.33509	38.98406	48.54227	78.38909	86.22746	161.0176	98.2059	148.2979
P55957	BID_HUMAN	BID	BH3-interacting domain death agonist	1	2.276	2.86E-02	4.197184	9.552812	6.466192	5.259809	5.062734	0	10.89287	7.798758	8.801359	10.71826
Q07955	SRSF1_HUMAN	SRSF1	Serine/arginine-rich splicing factor 1	8	2.276	2.86E-02	340.6042	775.3792	352.2034	332.8763	267.7411	409.5961	845.9056	577.5273	880.8653	797.2185
Q96A33	CCDC47_HUMAN	CCDC47	Coiled-coil domain-containing protein 47	1	2.282	2.86E-02	35.9029	81.9187	32.74895	44.70818	66.15448	0	78.62364	83.48691	92.68007	72.88417
O75351	VPS4B_HUMAN	VPS4B	Vacuolar protein sorting-associated protein 4B	2	2.285	2.86E-02	38.0572	86.95624	49.10313	33.39842	31.00104	38.7262	83.39616	81.57627	101.1537	81.69887
P48556	PSMD8_HUMAN	PSMD8	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 8	1	2.290	2.86E-02	31.18062	71.41282	61.18007	63.5424	0	0	77.86919	67.40426	69.75736	70.62048
P24534	EF1B_HUMAN	EEF1B2	Elongation factor 1-beta	4	2.290	2.86E-02	499.3913	1143.833	534.518	504.1577	479.2029	479.6868	1332.067	940.8934	1234.369	1068.005
P19404	NDUV2_HUMAN	NDUFV2	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 2, mitochondrial	2	2.302	2.86E-02	41.5242	95.56912	37.76477	42.65396	37.62891	48.04917	111.5227	100.799	91.11125	78.84353
P61604	CHT0_HUMAN	HSPE1	10 kDa heat shock protein, mitochondrial	5	2.334	2.86E-02	687.7797	1605.419	547.4877	699.3126	844.3923	659.926	1150.406	1120.635	2290.372	1860.261
P22314	UBA1_HUMAN	UBA1	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1	32	2.343	2.86E-02	4059.276	9511.55	4090.382	4004.414	4164.132	3978.175	10537.15	9050.942	8672.251	9785.858

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q08211	DHX9_HUMAN	DHX9	ATP-dependent RNA helicase A	5	2.361	2.86E-02	54.65813	129.0354	55.65292	15.29126	45.17953	102.5088	115.5577	160.8515	105.8401	133.8925
Q05682	CALD1_HUMAN	CALD1	Caldesmon	3	2.365	2.86E-02	50.8784	120.303	42.81306	54.32148	53.44884	52.9302	88.47385	117.7539	166.8841	108.1001
Q9NQ4	EXOSC5_HUMAN	EXOSC5	Exosome complex component RRP46	1	2.365	2.86E-02	31.78562	75.16698	51.45683	35.39494	40.2907	0	75.42783	79.66562	65.59051	79.98395
Q01650	LAT1_HUMAN	SLC7A5	Large neutral amino acids transporter small subunit 1	2	2.394	2.86E-02	37.68989	90.23796	58.946	47.28173	44.53183	0	72.09979	92.83479	109.5174	86.49988
Q17RC7	EX3L4_HUMAN	EXOC3L4	Exocyst complex component 3-like protein 4	1	2.395	2.86E-02	19.52068	46.74834	33.65796	0	19.44885	24.97591	58.08401	38.01354	45.11596	45.77984
P49915	GUAA_HUMAN	GMPS	GMP synthase [glutamine-hydrolyzing]	6	2.405	2.86E-02	116.7958	280.8623	155.5636	106.9257	119.2307	85.46328	305.0258	269.2598	232.4346	316.7289
Q16555	DPYL2_HUMAN	DPYSL2	Dihydropyrimidinase-related protein 2	15	2.411	2.86E-02	665.0633	1603.238	688.3772	615.6088	764.778	591.4893	1654.504	2007.673	1408.205	1342.569
P51991	ROA3_HUMAN	HNRNPA3	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3	7	2.423	2.86E-02	492.9638	1194.536	531.6692	364.0128	410.1294	666.0438	1086.617	1246.447	1216.242	1228.836
P54727	RD238_HUMAN	RAD23B	UV excision repair protein RAD23 homolog B	2	2.432	2.86E-02	41.2013	100.2078	70.63546	0	25.9525	68.21724	121.5424	101.2061	82.76755	95.31535
Q8NBJ7	SUMF2_HUMAN	SUMF2	Sulfatase-modifying factor 2	2	2.446	2.86E-02	42.79294	104.6713	47.26886	44.47737	45.58767	33.83786	108.9881	87.70495	114.7734	107.2169
Q92841	DDX17_HUMAN	DDX17	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX17	18	2.449	2.86E-02	950.4441	2327.286	958.4606	1025.288	963.3953	854.6328	2282.273	2133.773	2557.89	2335.209
PODME0	SETIP_HUMAN	SETSIP	Protein SETSIP	3	2.455	2.86E-02	269.0746	660.6219	220.2742	295.8772	319.6816	240.4654	489.0263	709.7634	937.0929	506.605
Q8IZP2	ST134_HUMAN	ST13P4	Putative protein FAM10A4	4	2.461	2.86E-02	396.3245	975.429	423.0174	394.803	389.5093	377.9683	1032.271	762.7132	1196.837	909.8946
Q95861	BPNT1_HUMAN	BPNT1	3[2],5-bisphosphate nucleotidase 1	1	2.461	2.86E-02	25.29339	62.25706	0	49.42828	51.74529	0	69.73133	54.02974	62.85257	62.41458
Q15785	TOM34_HUMAN	TOMM34	Mitochondrial import receptor subunit TOM34	4	2.480	2.86E-02	38.26985	94.89176	71.26853	0	31.17849	50.63238	91.62727	85.65508	91.68082	110.6039
Q9UKM9	RALY_HUMAN	RALY	RNA-binding protein Raly	3	2.484	2.86E-02	102.9109	255.6541	112.0282	79.34145	89.8622	130.4119	227.6483	214.6486	307.2781	273.0413
P31930	QCRC1_HUMAN	UQCRC1	Cytochrome b-c1 complex subunit 1, mitochondrial	7	2.491	2.86E-02	213.9852	533.0919	95.04905	332.8763	210.7698	217.2458	626.6114	537.2113	460.9022	507.4426
Q99714	HCD2_HUMAN	HSD17B10	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2	9	2.491	2.86E-02	486.4158	1211.847	333.463	666.5605	590.0933	355.5463	1465.028	1167.662	1010.438	1204.261
Q9NTZ6	RBM12_HUMAN	RBM12	RNA-binding protein 12	2	2.503	2.86E-02	28.95044	72.45062	39.70455	39.39952	18.22738	18.47032	65.11987	59.46262	88.74304	76.47693
P15311	EZR1_HUMAN	EZR	Ezrin	9	2.508	2.86E-02	548.7842	1376.338	822.2624	244.2678	344.9864	783.6201	1170.7	1466.728	1314.478	1553.445
P55786	PSA_HUMAN	NPEPPS	Puromycin-sensitive aminopeptidase	19	2.509	2.86E-02	381.3592	956.8323	381.3325	256.1315	579.5171	308.4558	1146.718	738.2901	799.5567	1142.764
Q9Y5K3	PCY1B_HUMAN	PCY1B	Choline-phosphate cytidylyltransferase B	1	2.515	2.86E-02	9.048397	22.75715	0	18.33797	0	17.85562	25.4054	21.29955	22.7928	21.53084
Q9BXP5	SRRT_HUMAN	SRRT	Serrate RNA effector molecule homolog	3	2.519	2.86E-02	49.20442	123.9534	51.67868	46.85473	56.32358	41.9607	142.0227	108.5662	132.6399	112.5846
Q92536	YLAT2_HUMAN	SLC7A6	Y+L amino acid transporter 2	1	2.522	2.86E-02	56.17523	141.6925	93.8235	0	75.19571	55.68172	129.9515	175.0318	135.9974	125.7895
Q9UMY4	SNX12_HUMAN	SNX12	Sorting nexin-12	1	2.537	2.86E-02	25.47698	64.63223	39.31497	35.02564	27.56732	0	67.30692	74.78101	65.43063	51.01035
P20810	ICAL_HUMAN	CAST	Calpastatin	2	2.548	2.86E-02	33.47474	85.27739	20.74506	34.02161	50.80479	28.3275	60.27106	137.8406	51.54111	91.45678
Q13283	G3BP1_HUMAN	G3BP1	Ras GTPase-activating protein-binding protein 1	5	2.565	2.86E-02	136.8246	350.9772	208.7167	100.5646	66.82288	171.1944	379.233	286.7215	393.4265	344.5278
P36871	PGM1_HUMAN	PGM1	Phosphoglucomutase-1	12	2.568	2.86E-02	191.2237	490.9677	176.2014	259.963	189.3982	139.332	568.4375	470.0338	469.4458	455.9537
Q9UMX0	UBQL1_HUMAN	UBQLN1	Ubiquilin-1	2	2.575	2.86E-02	25.30139	65.15351	34.34784	37.18373	0	29.67399	69.90935	45.00817	84.09654	61.59999
P82979	SARNP_HUMAN	SARNP	SAP domain-containing ribonucleoprotein	2	2.592	2.86E-02	45.11375	116.9552	24.93303	49.16285	25.31367	81.04548	124.4669	103.6235	145.9499	93.7805
Q10567	AP1B1_HUMAN	AP1B1	AP-1 complex subunit beta-1	5	2.597	2.86E-02	91.67106	238.0851	147.5853	65.45429	63.21763	90.42699	300.4737	187.5922	206.0845	258.19
P23526	SAHH_HUMAN	AHCY	Adenosylhomocysteinase	8	2.598	2.86E-02	660.4201	1715.976	601.6099	615.6435	700.7255	723.7013	1374.011	1279.775	1958.839	2251.281
Q8WXF1	PSPC1_HUMAN	PSPC1	Paraspeckle component 1	3	2.637	2.86E-02	49.65405	130.9436	44.84212	78.82212	47.49529	27.45667	166.733	79.44133	121.7821	155.8178

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P09622	DLDH_HUMAN	DLD	Dihydropyridyl dehydrogenase, mitochondrial	4	2.645	2.86E-02	132.9093	351.49	36.46618	154.5283	229.9525	110.6902	399.7472	301.0015	297.2657	407.9456
Q9UNF0	PACIN2_HUMAN	PACIN2	Protein kinase C and casein kinase substrate in neurons protein 2	3	2.648	2.86E-02	68.34162	180.9815	59.67045	91.23978	67.10385	55.35241	176.9731	157.6698	227.2485	162.0344
Q9UBE0	SAE1_HUMAN	SAE1	SUMO-activating enzyme subunit 1	1	2.688	2.86E-02	11.59557	31.17288	17.97743	0	10.0882	18.31664	25.99031	32.70527	27.89895	38.09699
P49773	HINT1_HUMAN	HINT1	Histidine triad nucleotide-binding protein 1	2	2.692	2.86E-02	58.03632	156.2135	0	85.10019	59.63308	87.41203	218.3491	94.10346	125.895	186.5063
P30041	PRDX6_HUMAN	PRDX6	Peroxiiredoxin-6	11	2.700	2.86E-02	1363.826	3682.485	1342.179	1407.304	1348.51	1357.312	3712.358	3542.146	3859.258	3614.178
P02792	FRIL_HUMAN	FTL	Ferritin light chain	1	2.710	2.86E-02	35.35573	95.82467	14.69036	31.49423	43.20093	52.03742	61.89863	193.9721	66.6597	60.76825
P22695	QCR2_HUMAN	UQCRC2	Cytochrome b-c1 complex subunit 2, mitochondrial	8	2.773	2.86E-02	191.9125	532.2029	190.4595	196.1044	186.716	194.3701	541.0951	599.3197	410.353	578.0435
P38919	IF4A3_HUMAN	EIF4A3	Eukaryotic initiation factor 4A-III	4	2.785	2.86E-02	115.0222	320.3092	96.24214	99.43359	136.7453	127.6677	287.7837	374.3204	255.0376	364.095
Q9NQG5	RPR18_HUMAN	RPRD18	Regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 18	5	2.803	2.86E-02	61.91472	173.5257	65.09208	65.73511	78.06157	38.77011	209.4822	192.8755	152.6648	139.0802
P09110	THK_HUMAN	ACAA1	3-ketoacyl-CoA thiolase, peroxisomal	1	2.811	2.86E-02	12.87472	36.19401	0	22.19252	29.30636	0	40.85039	31.26813	37.56166	35.09587
P40743	STAT3_HUMAN	STAT3	Signal transducer and activator of transcription 3	3	2.814	2.86E-02	46.15136	129.8711	60.27105	50.58234	55.34759	18.40446	132.3081	121.9158	123.8565	141.4039
Q93096	TP4A1_HUMAN	PTP4A1	Protein tyrosine phosphatase type IVA 1	1	2.817	2.86E-02	6.968326	19.63214	0	8.575801	8.825625	10.47188	21.63316	19.87902	20.48454	16.53185
P28072	PSB6_HUMAN	PSMB6	Proteasome subunit beta type-6	2	2.818	2.86E-02	83.09449	234.1508	109.4066	75.9716	59.917	87.08272	254.9017	232.6004	275.1824	173.9188
O00571	DDX3X_HUMAN	DDX3X	ATP-dependent RNA helicase DDX3X	12	2.830	2.86E-02	426.7057	1207.437	516.776	237.1934	303.2308	649.6225	1209.38	1184.484	1088.888	1346.994
O43684	BUB3_HUMAN	BUB3	Mitotic checkpoint protein BUB3	4	2.831	2.86E-02	77.98005	220.7732	102.102	85.46372	65.38699	58.96744	221.7314	201.1578	238.61	221.5936
P30046	DOPD_HUMAN	DDT	D-dopachrome decarboxylase	3	2.853	2.86E-02	147.8624	421.8312	132.619	174.9424	157.7735	126.1148	500.2244	401.9916	356.3611	428.7476
P49189	AL9A1_HUMAN	ALDH9A1	4-trimethylaminobutyraldehyde dehydrogenase	4	2.868	2.86E-02	77.88823	223.3605	88.64535	82.64205	81.95667	58.30883	272.3387	200.1775	199.7093	221.2163
P38117	EIFB_HUMAN	EIFB	Electron transfer flavoprotein subunit beta	6	2.869	2.86E-02	216.7739	621.8653	113.7813	294.5962	310.5605	148.1577	741.0119	407.873	725.0029	613.5733
P31153	METK2_HUMAN	MAT2A	S-adenosylmethionine synthase isoform type-2	5	2.887	2.86E-02	121.997	352.2596	114.7634	130.7085	138.9901	103.526	407.5205	188.1986	373.9478	439.3715
Q14157	UBP2L_HUMAN	UBAP2L	Ubiquitin-associated protein 2-like	4	2.912	2.86E-02	33.88576	98.68002	54.23258	0	18.37526	62.9352	125.1705	76.84534	110.5466	82.15761
P12955	PEPD_HUMAN	PEPD	Xaa-Pro dipeptidase	2	2.926	2.86E-02	28.17408	82.43652	30.07059	7.755266	38.28548	36.58499	90.70329	79.93145	80.4393	78.67203
P39748	FEN1_HUMAN	FEN1	Flap endonuclease 1	1	2.933	2.86E-02	29.72264	87.16975	62.01604	0	0	56.87453	90.53375	82.67281	86.12501	89.34742
P50552	VASP_HUMAN	VASP	Vasodilator-stimulated phosphoprotein	4	2.957	2.86E-02	75.55224	223.3899	77.4612	91.02051	58.1336	75.59366	109.6493	204.248	322.2269	257.4355
Q3KQV9	UAP1L_HUMAN	UAP1L1	UDP-N-acetylhexosamine pyrophosphorylase-like protein 1	1	2.965	2.86E-02	21.96564	65.13518	43.34061	0	0	44.52196	59.38098	94.20314	52.25057	54.706
O00743	PPP6_HUMAN	PPP6C	Serine/threonine-protein phosphatase 6 catalytic subunit	2	3.007	2.86E-02	13.72547	41.27461	18.61049	0	19.13831	17.1531	48.14056	31.97424	40.00981	44.97382
O43488	ARK72_HUMAN	AKR7A2	Aflatoxin B1 aldehyde reductase member 2	3	3.020	2.86E-02	39.24426	118.5001	45.55634	48.92973	36.51983	25.97114	153.509	77.28978	143.2819	99.91991
Q01105	SET_HUMAN	SET	Protein SET	3	3.032	2.86E-02	76.20506	231.0631	125.7121	112.4514	40.12212	26.53462	250.5021	198.3832	284.985	190.382
P09661	RU2A_HUMAN	SNRPA1	U2 small nuclear ribonucleoprotein A	5	3.042	2.86E-02	68.89425	209.5474	117.6527	41.28063	56.77609	59.86754	210.0318	163.8669	240.3736	223.9173
Q16401	PSMD5_HUMAN	PSMD5	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 5	10	3.046	2.86E-02	151.873	462.6289	189.4407	132.4742	172.9989	112.5782	528.9324	439.1162	424.8914	457.5754
Q9Y383	LC7L2_HUMAN	LUC7L2	Putative RNA-binding protein Luc7-like 2	2	3.151	2.86E-02	25.78725	81.24274	27.69254	29.54387	25.50887	20.4037	82.26025	80.13913	85.18572	77.38584
Q08945	SSRP1_HUMAN	SSRP1	FACT complex subunit SSRP1	12	3.151	2.86E-02	193.3235	609.1026	269.2542	148.1567	161.8868	193.9962	785.8473	621.1011	389.7189	639.743
P42126	EC11_HUMAN	EC11	Enoyl-CoA delta isomerase 1, mitochondrial	3	3.236	2.86E-02	103.325	334.3117	69.43913	132.4373	121.2891	90.13428	425.1865	275.0831	313.9631	323.0141
Q13907	IDI1_HUMAN	IDI1	Isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase 1	2	3.240	2.86E-02	19.36708	62.75693	26.12611	0	0	51.34222	67.94269	58.6319	69.98719	54.46591

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O75694	HU155_HUMAN	HUP155	Nuclear pore complex protein Nup155	3	3.243	2.86E-02	13.46131	43.66054	0	14.49496	25.18945	14.16082	56.34963	42.87323	25.48077	49.93852
O95433	AHSA1_HUMAN	AHSA1	Activator of 90 kDa heat shock protein ATPase homolog 1	4	3.251	2.86E-02	106.9166	347.5891	196.1285	74.19435	41.06262	116.281	376.1474	315.4476	271.0255	427.7358
P47985	UCRL1_HUMAN	UQCRCF51	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial	3	3.258	2.86E-02	32.80658	106.8707	30.5251	38.84557	31.80845	30.0472	181.7202	88.91149	98.77547	58.07582
P56556	NDUA6_HUMAN	NDUFA6	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 6	1	3.291	2.86E-02	10.75593	35.39985	19.51139	0	0	23.51234	32.01741	47.7163	30.57693	31.28875
O43809	CPSF5_HUMAN	NUDT21	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 5	6	3.303	2.86E-02	141.0461	465.9409	147.3743	96.02912	160.4974	160.2834	468.7325	398.9262	537.0548	459.0503
P11940	PABP1_HUMAN	PABPC1	Polyadenylate-binding protein 1	9	3.306	2.86E-02	352.6103	1165.696	392.5734	309.7375	278.0955	430.035	1177.241	1026.183	1310.901	1148.457
Q15233	NONO_HUMAN	NONO	Non-POU domain-containing octamer-binding protein	3	3.315	2.86E-02	62.85532	208.3591	22.34395	55.14086	58.31401	115.6224	202.387	238.0997	235.0826	157.8671
P24752	THIL_HUMAN	ACAT1	Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial	8	3.322	2.86E-02	175.9969	584.7133	118.6754	247.1876	219.6336	118.491	716.8882	574.1755	539.2061	508.5832
Q13011	ECH1_HUMAN	ECH1	Delta(3,5)-Delta(2,4)-dienoyl-CoA isomerase, mitochondrial	7	3.341	2.86E-02	335.0376	1119.223	134.2342	572.1355	499.9294	133.8513	1306.873	874.4527	1248.418	1047.148
Q9NRV9	HEBP1_HUMAN	HEBP1	Heme-binding protein 1	2	3.345	2.86E-02	28.19432	94.30693	3.428697	62.01789	47.33071	0	102.7236	103.6955	85.40556	85.4031
Q9Y524	HEBP2_HUMAN	HEBP2	Heme-binding protein 2	2	3.386	2.86E-02	20.91515	70.81075	33.75536	24.81223	0	25.093	61.22896	65.17794	87.28747	69.54865
Q9Y2V2	CHSP1_HUMAN	CARHSP1	Calcium-regulated heat stable protein 1	1	3.393	2.86E-02	40.23632	136.534	48.03179	27.84741	33.05062	52.01546	121.3898	173.4534	127.3039	123.9888
P48163	MAOX_HUMAN	ME1	NADP-dependent malic enzyme	1	3.396	2.86E-02	8.420827	28.59533	20.76941	12.9139	0	0	31.57661	26.36691	21.81354	34.62427
Q9H910	HNIL_HUMAN	HNIL	Hematological and neurological expressed 1-like protein	2	3.422	2.86E-02	22.01868	75.33798	21.24826	23.12731	23.3262	20.37297	73.60529	53.0578	103.0223	71.66658
Q9UHX1	PUF60_HUMAN	PUF60	Poly(U)-binding-splicing factor PUF60	7	3.448	2.86E-02	160.9777	555.0273	213.347	58.63766	185.9974	185.9289	614.7055	478.3759	459.8031	667.2246
Q13564	ULA1_HUMAN	NAE1	NEDD8-activating enzyme E1 regulatory subunit	8	3.455	2.86E-02	67.27545	232.464	96.40446	33.27148	84.84915	54.57672	221.511	294.9622	162.8671	250.5158
Q9C005	DPY30_HUMAN	DPY30	Protein dpy-30 homolog	2	3.459	2.86E-02	6.441624	22.2793	8.643774	5.848763	4.631523	6.642436	29.89818	13.59051	24.1148	21.51369
P60900	PSA6_HUMAN	PSMA6	Proteasome subunit alpha type-6	2	3.496	2.86E-02	129.8519	453.9251	132.3755	136.8712	118.8048	131.3559	413.6748	388.1934	533.9971	479.8351
Q99627	CSN8_HUMAN	COP8	COP9 signalosome complex subunit 8	1	3.597	2.86E-02	16.04651	57.72203	0	24.66221	0	39.52385	65.09444	46.91881	64.03168	54.8432
P07741	APT_HUMAN	APRT	Adenine phosphoribosyltransferase	8	3.614	2.86E-02	434.3022	1569.752	391.0476	494.7906	413.8204	437.5504	1837.199	1468.893	1508.362	1464.552
Q92945	FUBP2_HUMAN	KHSRP	Far upstream element-binding protein 2	9	3.634	2.86E-02	277.6458	1009.062	422.8064	215.1855	291.4665	181.1247	858.0531	902.9629	1272.999	1002.235
Q86W42	THOC6_HUMAN	THOC6	THO complex subunit 6 homolog	2	3.636	2.86E-02	10.97864	39.91915	15.4614	17.10313	0	11.35003	60.58471	23.57571	25.74058	49.7756
P23258	TBG1_HUMAN	TUBG1	Tubulin gamma-1 chain	3	3.651	2.86E-02	26.96601	98.445	0	37.96849	34.13308	35.76246	58.17726	118.7923	105.3405	111.4699
P49821	NDUV1_HUMAN	NDUFV1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 1, mitochondrial	2	3.688	2.86E-02	10.11279	37.29264	20.8668	19.58435	0	0	43.87665	37.93878	24.00189	43.35322
Q14444	CAPR1_HUMAN	CAPRIN1	Caprin-1	4	3.699	2.86E-02	46.70518	172.774	103.231	27.5912	4.099164	51.89935	173.1924	156.5151	187.7184	173.6701
Q15645	PCH2_HUMAN	TRIP13	Pachytene checkpoint protein 2 homolog	4	3.701	2.86E-02	34.26181	126.7935	35.41107	34.76021	38.95093	27.92501	106.2754	129.7079	138.4555	132.7349
P23919	KTHY_HUMAN	DTYMK	Thymidylate kinase	2	3.720	2.86E-02	32.00486	119.0486	30.06248	71.37845	0	26.57853	114.2946	120.595	118.8337	122.4711
Q16630	CPSF6_HUMAN	CPSF6	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 6	2	3.736	2.86E-02	32.38142	120.9693	33.51187	33.37534	37.48694	25.15154	127.222	88.03923	144.1213	124.4947
Q98Z75	API5_HUMAN	API5	Apoptosis inhibitor 5	4	3.738	2.86E-02	22.81367	85.28186	43.04843	0	28.45459	19.75168	85.57473	95.59875	80.93893	79.01502
P17844	DDX5_HUMAN	DDX5	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX5	7	3.764	2.86E-02	218.1762	821.2096	346.8142	148.3425	213.4227	164.1253	847.8384	526.142	962.8235	948.0345
Q9H3U1	UN45A_HUMAN	UNC45A	Protein unc-45 homolog A	5	3.784	2.86E-02	31.78356	120.258	33.73913	11.19551	55.54279	26.65683	110.4969	111.6316	112.1234	146.7802
P30520	PURA2_HUMAN	ADSS	Adenylosuccinate synthetase isozyme 2	3	3.801	2.86E-02	33.37354	126.8526	71.51201	0	20.33611	41.64603	74.4106	113.9742	156.0223	163.0033
P17174	AATC_HUMAN	GOT1	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic	7	3.853	2.86E-02	186.1405	717.1671	181.3488	138.7869	190.4958	233.9305	750.5909	598.8296	764.5964	754.6513

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P11498	PYC_HUMAN	PC	Pyruvate carboxylase, mitochondrial	13	3.872	2.86E-02	158.5824	614.0893	88.20221	228.9188	250.2353	66.9732	813.4644	498.2881	414.9569	729.6478
P13804	ETFA_HUMAN	ETFA	Ecton transfer flavoprotein subunit alpha, mitochondrial	10	3.879	2.86E-02	235.6543	914.1612	158.0048	421.3079	223.904	139.4006	957.6987	950.4707	873.8386	874.6367
P28070	PSB4_HUMAN	PSMB4	Proteasome subunit beta type-4	2	3.883	2.86E-02	28.15524	109.3147	45.72678	39.20333	0	27.69084	105.8346	85.69662	146.4595	99.26824
P08574	CY1_HUMAN	CYC1	Cytochrome c1, heme protein, mitochondrial	4	3.885	2.86E-02	120.7353	469.0118	124.373	195.5666	126.178	36.82355	489.6791	371.1139	511.0844	504.1698
P40222	TXLNA_HUMAN	TXLNA	Alpha-taxilin	2	3.917	2.86E-02	8.186902	32.06784	11.31401	6.653141	7.28622	7.494237	33.32286	20.39739	43.89688	30.65423
O43670	ZN207_HUMAN	ZNF207	BUB3-interacting and GLEBS motif-containing protein ZNF207	2	3.959	2.86E-02	30.01107	118.8176	48.28339	43.05788	28.70302	0	115.4644	104.7948	142.5125	112.4989
Q13243	SRSF5_HUMAN	SRSF5	Serine/arginine-rich splicing factor 5	1	3.961	2.86E-02	15.29996	60.6095	36.9775	0	24.22233	0	74.41908	51.28007	53.44967	63.28919
Q98T0	AN32E_HUMAN	ANP32E	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member E	2	3.981	2.86E-02	41.93478	166.941	95.69023	0	0	72.04888	179.2619	156.432	166.6742	165.3956
Q6DD88	ATLA3_HUMAN	ATL3	Atlastin-3	5	3.983	2.86E-02	74.77936	297.8355	91.39675	64.69646	111.5647	31.45955	352.7849	315.3396	184.9405	338.2769
Q15029	USS1_HUMAN	EFTUD2	116 kDa U5 small nuclear ribonucleoprotein component	10	4.005	2.86E-02	69.34245	277.7427	77.5099	65.83205	80.00291	54.02495	246.2382	257.7461	246.2442	360.7424
Q98Y77	PDI3_HUMAN	POLDIP3	Polymerase delta-interacting protein 3	1	4.006	2.86E-02	5.17448	20.73143	10.89197	0	0	9.805954	21.73488	17.09613	23.05261	21.04209
Q05639	EF1A2_HUMAN	EEF1A2	Elongation factor 1-alpha 2	6	4.033	2.86E-02	1321.574	5329.946	968.9549	686.9758	910.325	2720.04	3871.193	5641.079	5354.642	6452.87
P58107	EPIPL_HUMAN	EPPK1	Epiplakin	1	4.036	2.86E-02	10.2104	41.2091	10.64036	14.14874	14.45355	1.598956	61.59346	18.36712	32.96513	51.91068
P42167	LAP2B_HUMAN	TMPO	Lamina-associated polypeptide 2, isoforms beta/gamma	5	4.067	2.86E-02	79.71409	324.1585	85.13915	39.04176	70.14717	124.5283	291.7085	268.562	416.0161	320.3474
P24539	AT5F1_HUMAN	ATP5F1	ATP synthase F1(0) complex subunit B1, mitochondrial	2	4.128	2.86E-02	17.63555	72.79092	12.21491	13.3409	17.55897	27.4274	68.03594	70.10409	78.93044	74.09319
P53004	BIEA_HUMAN	BLVRA	Biliverdin reductase A	3	4.144	2.86E-02	43.25025	179.2399	91.84314	57.25279	0	23.90506	142.1668	182.4002	163.8364	228.5562
Q9HCC0	MCCB_HUMAN	MCCC2	Methylcrotonyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial	6	4.155	2.86E-02	41.5823	172.7868	12.25549	88.85088	65.22285	0	204.1756	178.2134	149.0475	159.7107
Q9NR31	SAR1A_HUMAN	SAR1A	GTP-binding protein SAR1a	4	4.170	2.86E-02	63.68146	265.5775	176.7388	39.31874	8.57719	30.09111	312.7229	176.8593	249.3449	323.3828
Q00688	FKBP3_HUMAN	FKBP3	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP3	5	4.195	2.86E-02	89.3568	374.8205	95.63883	83.9346	40.59237	137.2614	403.8472	277.4258	478.6688	339.3401
P14406	CX7A2_HUMAN	COX7A2	Cytochrome c oxidase subunit 7A2, mitochondrial	1	4.208	2.86E-02	11.16469	46.98445	23.00948	0	21.64927	0	36.62039	42.29173	56.25755	52.76814
P54886	P5CS_HUMAN	ALDH18A1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase	6	4.243	2.86E-02	38.38132	162.8697	9.958602	0	65.08976	78.4769	178.6403	164.922	104.4412	203.4755
O14974	MYPT1_HUMAN	PPP1R12A	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	3	4.273	2.86E-02	16.8418	71.95864	14.77152	0	43.77765	8.81804	70.63582	85.37264	84.52855	47.29754
P62495	ERF1_HUMAN	ETF1	Eukaryotic peptide chain release factor subunit 1	5	4.294	2.86E-02	54.23456	232.8984	68.6551	18.62649	14.42693	115.2297	206.8459	257.2809	226.7089	240.7579
P09874	PARP1_HUMAN	PARP1	Poly [ADP-ribose] polymerase 1	4	4.328	2.86E-02	31.94239	138.2361	55.21464	5.450613	13.61064	53.49367	114.7354	111.3657	165.615	161.2284
Q96DI7	SNR40_HUMAN	SNRNP40	U5 small nuclear ribonucleoprotein 40 kDa protein	3	4.345	2.86E-02	19.82241	86.13128	26.90527	28.86298	23.52139	0	85.31195	87.79002	73.86127	97.5619
Q99436	PSB7_HUMAN	PSMB7	Proteasome subunit beta type-7	2	4.359	2.86E-02	23.77858	103.6612	38.32479	26.55486	19.94572	10.28893	83.04861	108.9317	131.5507	91.11379
P30086	PEBP1_HUMAN	PEBP1	Phosphatidylethanolamine-binding protein 1	7	4.439	2.86E-02	611.4727	2714.498	542.3339	617.1207	698.8986	587.5376	2634.346	2583.027	2945.757	2694.862
P11586	C11C_HUMAN	MTHFD1	C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic	20	4.454	2.86E-02	665.8616	2965.693	780.9589	506.0542	547.2739	829.1592	3358.344	2453.709	2893.966	3156.751
P53602	MVD1_HUMAN	MVD	Diphosphomevalonate decarboxylase	3	4.490	2.86E-02	45.60994	204.7862	73.47614	16.28375	15.98851	76.69134	207.9521	233.5931	167.8134	209.7864
Q6P587	FAHD1_HUMAN	FAHD1	Acylpyruvase FAHD1, mitochondrial	3	4.586	2.86E-02	25.42903	116.6145	24.68954	39.23795	37.78861	0	144.0826	80.42157	149.777	92.17704
P49748	ACADV_HUMAN	ACADVL	Very long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	7	4.590	2.86E-02	72.48031	332.6592	0	135.1747	135.7054	19.04111	370.4	408.8367	193.1033	358.2969
Q99873	ANM1_HUMAN	PRMT1	Protein arginine N-methyltransferase 1	7	4.611	2.86E-02	66.23242	305.4095	108.1567	44.70818	53.99007	58.07466	278.7982	264.3669	307.458	371.0147
P06744	G6PI_HUMAN	GPI	Glucose-6-phosphate isomerase	13	4.629	2.86E-02	638.5472	2955.952	699.3503	560.5488	674.5609	619.729	2841.497	3186.293	2429.867	3366.153

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P46060	RAGP1_HUMAN	RANGAP1	Ran GTPase-activating protein 1	7	4.652	2.86E-02	73.00316	339.6042	84.83885	79.47612	66.47389	61.02377	284.0878	313.8194	441.4969	319.0126
Q9Y224	CN166_HUMAN	C14orf166	UPF0568 protein C14orf166	4	4.660	2.86E-02	29.15809	135.8738	24.22692	28.36673	0	64.03873	142.5398	130.9872	134.9182	135.0501
Q96F86	EDC3_HUMAN	EDC3	Enhancer of mRNA-decapping protein 3	1	4.748	2.86E-02	2.632176	12.49708	7.143085	3.38562	0	0	12.28309	10.47532	14.11935	13.11058
O00483	NDUFA4_HUMAN	NDUFA4	Cytochrome c oxidase subunit NDUFA4	2	4.751	2.86E-02	25.15457	119.5153	28.95056	41.34988	30.31784	0	150.6861	68.1519	100.2244	158.999
Q15165	PON2_HUMAN	PON2	Serum paraoxonase/arylesterase 2	2	4.805	2.86E-02	17.31091	83.17293	0	31.57501	24.31106	13.35756	78.19979	98.81361	76.93195	78.74635
P30043	BLVRB_HUMAN	BLVRB	Flavin reductase (NADPH)	5	4.854	2.86E-02	108.84	528.286	42.39102	158.7291	170.3549	63.88506	596.6581	425.7251	554.3417	536.4189
P68371	TBB4B_HUMAN	TUBB4B	Tubulin beta-4B chain	1	4.982	2.86E-02	4.111129	20.48225	0	0	8.380218	8.064299	13.74112	12.0703	26.98963	29.12795
P05787	K2C8_HUMAN	KRT8	Keratin, type II cytoskeletal 8	26	5.062	2.86E-02	4020.438	20350.62	3951.406	4415.908	4530.277	3184.161	16934.18	17647.1	26427.36	20393.84
P35637	FUS_HUMAN	FUS	RNA-binding protein FUS	4	5.083	2.86E-02	79.32316	403.1835	54.02156	107.7774	96.4457	59.04794	340.629	317.217	534.9464	419.9415
Q15459	SF3A1_HUMAN	SF3A1	Splicing factor 3A subunit 1	7	5.137	2.86E-02	73.36744	376.8998	160.4252	60.63418	0	72.41038	392.3129	250.3278	500.8721	364.0865
Q9NZL4	HSPBP1_HUMAN	HSPBP1	Hsp70-binding protein 1	3	5.145	2.86E-02	16.70579	85.95799	49.4359	0	0	17.38727	83.18424	81.04461	75.47305	104.13
Q13185	CBX3_HUMAN	CBX3	Chromobox protein homolog 3	3	5.167	2.86E-02	42.87405	221.5498	76.8606	35.34878	28.50782	30.77899	198.6656	93.18967	355.5584	238.7857
Q96IU4	ABHEB_HUMAN	ABHD14B	Alpha/beta hydrolase domain-containing protein 14B	5	5.173	2.86E-02	45.77009	236.7544	18.87562	89.26634	74.9384	0	304.5935	207.9696	214.0185	220.436
Q09028	RBBP4_HUMAN	RBBP4	Histone-binding protein RBBP4	5	5.179	2.86E-02	206.3051	1068.502	359.3051	145.5843	209.4212	110.9097	1184.559	853.8094	1269.802	965.8353
Q14657	LAGE3_HUMAN	LAGE3	EKC/KEOPS complex subunit LAGE3	1	5.282	2.86E-02	0.375934	1.985804	0	1.503737	0	0	1.918615	2.119155	1.907561	1.997884
P30626	SORCN_HUMAN	SRI	Sarcin	3	5.303	2.86E-02	35.10747	186.1856	60.80672	0	79.62316	0	157.4168	167.1782	240.3207	179.8267
Q13547	HDAC1_HUMAN	HDAC1	Histone deacetylase 1	5	5.398	2.86E-02	57.1487	308.5169	55.53118	54.79465	67.38777	50.88119	319.0975	261.5259	328.2523	325.192
Q04917	I433F_HUMAN	YWHAH	I4-3-3 protein eta	4	5.510	2.86E-02	68.36785	376.6747	93.02811	53.39824	28.56106	98.48397	311.0706	309.4582	492.4526	393.7174
Q9NX63	MIC19_HUMAN	CHCHD3	MICOS complex subunit MIC19	1	5.605	2.86E-02	8.930313	50.05189	10.59167	0	0	25.12959	53.52342	41.41948	58.45589	46.80879
O00625	PIR_HUMAN	PIR	Pirin	3	5.701	2.86E-02	7.463814	42.55367	0	10.95778	12.36847	6.529009	50.6794	41.27826	43.66705	34.58997
O75569	PRKRA_HUMAN	PRKRA	Interferon-inducible double-stranded RNA-dependent protein kinase activator A	2	5.726	2.86E-02	3.553021	20.34322	8.392171	5.819912	0	0	32.28867	23.72524	15.61822	9.740755
Q07021	C1QBP_HUMAN	C1QBP	Complement component 1 Q subcomponent-binding protein, mitochondrial	3	5.867	2.86E-02	48.207	282.8543	30.50075	80.83018	38.24112	43.25596	226.5887	257.6963	344.62	302.5122
Q13435	SF3B2_HUMAN	SF3B2	Splicing factor 3B subunit 2	6	5.953	2.86E-02	33.96505	202.1795	40.5324	29.55887	47.49618	18.27274	295.7775	148.8642	264.1907	99.88562
Q9UI30	TRM112_HUMAN	TRMT112	Multifunctional methyltransferase subunit TRM112-like protein	4	5.987	2.86E-02	33.92465	203.1215	65.98487	28.96684	25.43789	15.309	161.2281	182.666	245.5147	223.077
Q96GG9	DCNLI_HUMAN	DCUN1D1	DCN1-like protein 1	2	6.077	2.86E-02	9.146496	55.58019	17.07653	0	0	19.50946	70.18061	50.69026	66.09679	35.35311
Q9BQ67	GRWD1_HUMAN	GRWD1	Glutamate-rich WD repeat-containing protein 1	4	6.081	2.86E-02	29.5973	179.988	57.72256	0	12.24426	48.42238	202.7261	168.8097	197.0313	151.3847
Q04828	AK1C1_HUMAN	AKR1C1	Aldo-keto reductase family 1 member C1	1	6.164	2.86E-02	39.75597	245.0443	0	58.45301	51.95824	48.61265	179.6264	197.6272	330.2508	272.6726
P12277	KCRB_HUMAN	CKB	Creatine kinase B-type	5	6.191	2.86E-02	62.17669	384.9559	0	115.5904	133.1164	0	454.237	429.6959	333.5283	322.3624
Q9HC38	GLOD4_HUMAN	GLOD4	Glyoxalase domain-containing protein 4	2	6.231	2.86E-02	29.27571	182.4307	0	49.56677	24.73442	0	190.8329	190.4	194.9529	153.5369
Q9JL25	RAB21_HUMAN	RAB21	Ras-related protein Rab-21	3	6.395	2.86E-02	12.04721	77.0432	17.14146	14.03334	0	17.01406	74.3004	81.37413	70.81657	81.68172
Q16531	DDB1_HUMAN	DDB1	DNA damage-binding protein 1	6	6.426	2.86E-02	37.09213	238.3359	0	19.66514	80.82984	47.87354	277.4164	222.0087	177.5161	276.4025
P00568	KAD1_HUMAN	AK1	Adenylate kinase isoenzyme 1	5	6.427	2.86E-02	34.77876	223.5131	23.88604	88.38926	26.83977	0	270.1754	288.6238	210.731	124.5222
P61942	DCAF7_HUMAN	DCAF7	DDb1- and CUL4-associated factor 7	1	6.453	2.86E-02	3.723316	24.02485	14.89326	0	0	0	25.53255	17.28719	26.74982	26.52984

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P17931	LEG3_HUMAN	LGALS3	Galectin-3	6	6.532	2.86E-02	331.6977	2166.569	306.5172	361.3354	385.6231	273.3153	1619.333	1870.854	2908.106	2267.984
O15067	PUR4_HUMAN	PFAS	Phosphoribosylformylglycinamide synthase	8	6.632	2.86E-02	41.73883	276.8147	59.17536	0	64.86794	42.91202	310.2731	303.9754	218.0854	274.9248
Q9H074	PAIP1_HUMAN	PAIP1	Polyadenylate-binding protein-interacting protein 1	2	6.644	2.86E-02	20.75816	137.9235	0	26.68181	23.94728	32.40355	144.1165	118.9419	164.9555	123.6802
O43396	TXNL1_HUMAN	TXNL1	Thioredoxin-like protein 1	1	6.647	2.86E-02	5.640773	37.49366	22.56309	0	0	0	44.07162	31.88286	43.29733	30.72282
Q9BUJ2	HNRL1_HUMAN	HNRNPUL1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U-like protein 1	7	6.679	2.86E-02	37.38545	249.6984	18.17222	44.53508	48.61325	38.22127	273.647	239.4122	241.2979	244.4364
O15511	ARPC5_HUMAN	ARPC5	Actin-related protein 2/3 complex subunit 5	1	6.696	2.86E-02	16.17251	108.2908	0	0	0	64.69002	115.1169	108.5745	119.6097	89.8619
P31689	DNJA1_HUMAN	DNJA1	DnaJ homolog subfamily A member 1	7	6.700	2.86E-02	67.31823	451.0129	131.0201	0	27.24791	111.0049	414.4292	411.2457	426.9349	551.4417
O60437	PEPL_HUMAN	PPL	Periplakin	10	6.724	2.86E-02	45.18461	303.804	0	54.47151	106.7282	19.53873	379.6483	271.6938	294.5378	269.3362
O75400	PR40A_HUMAN	PRPF40A	Pre-mRNA-processing factor 40 homolog A	1	6.727	2.86E-02	4.534938	30.50708	18.13975	0	0	0	36.68821	31.10199	22.08334	32.15478
P30042	ES1_HUMAN	C21orf33	ES1 protein homolog, mitochondrial	2	6.753	2.86E-02	29.0534	196.1858	0	116.2136	0	0	232.1156	159.4974	201.7278	191.4024
Q07812	BAX_HUMAN	BAX	Apoptosis regulator BAX	1	6.806	2.86E-02	4.859587	33.07559	19.43835	0	0	0	30.1101	33.4363	33.87444	34.88151
Q52LJ0	FAM98B_HUMAN	FAM98B	Protein FAM98B	2	6.829	2.86E-02	9.766243	66.6914	8.944074	30.1209	0	0	74.24106	56.83507	64.21155	71.47794
O43169	CYB5B_HUMAN	CYB5B	Cytochrome b5 type B	3	6.898	2.86E-02	59.4665	410.2078	116.5814	64.99651	56.28809	0	439.5295	289.6622	372.2022	539.4372
Q72384	NUP54_HUMAN	NUP54	Nucleoporin p54	1	6.946	2.86E-02	1.255199	8.718878	0	0	0	5.020795	9.172052	8.647749	9.686691	7.369019
O94903	PROSC_HUMAN	PROSC	Proline synthase co-transcribed bacterial homolog protein	1	6.990	2.86E-02	3.909369	27.32547	0	15.63748	0	0	26.41133	27.69606	25.62067	29.57383
P54920	SNAA_HUMAN	NAPA	Alpha-soluble NSF attachment protein	4	7.289	2.86E-02	43.34056	315.8882	46.26245	76.75636	50.34341	0	264.2263	283.922	290.181	425.2234
P51114	FXR1_HUMAN	FXR1	Fragile X mental retardation syndrome-related protein 1	1	7.290	2.86E-02	1.993057	14.52925	0	7.972229	0	0	13.87675	11.4888	15.86803	16.8834
Q9BWF3	RBM4_HUMAN	RBM4	RNA-binding protein 4	4	7.346	2.86E-02	21.91779	161.0034	56.40773	31.26342	0	0	195.3342	140.2912	212.4297	95.95845
Q9G2S3	WDR61_HUMAN	WDR61	WD repeat-containing protein 61	4	7.402	2.86E-02	26.27232	194.4801	22.30743	25.59122	7.487629	49.70301	227.6229	150.2931	214.2184	185.786
P06865	HEXA_HUMAN	HEXA	Beta-hexosaminidase subunit alpha	6	7.417	2.86E-02	28.64234	212.4291	21.04536	62.79803	30.72599	0	184.8728	201.5601	256.0198	207.2637
Q6PJ7	ZC3H14_HUMAN	ZC3H14	Zinc finger CCCH domain-containing protein 14	1	7.565	2.86E-02	2.922684	22.11068	6.542485	5.14825	0	0	21.16693	20.16977	29.22795	17.87806
Q9UK22	FBX2_HUMAN	FBXO2	F-box only protein 2	9	7.640	2.86E-02	221.8942	1695.17	129.5673	283.3903	368.0561	106.5629	1840.237	1833.572	1629.507	1477.362
P78347	GTF2L_HUMAN	GTF2L	General transcription factor II-I	8	7.838	2.86E-02	37.43179	293.3768	40.73531	36.37589	30.32376	42.2922	287.7989	309.4229	238.512	337.7736
P80723	BASP1_HUMAN	BASP1	Brain acid soluble protein 1	2	7.916	2.86E-02	41.07372	325.1252	0	75.00219	53.82149	35.47121	349.3348	303.5435	383.9103	263.7121
Q9H4A4	AMPB_HUMAN	RNPEP	Aminopeptidase B	16	8.094	2.86E-02	139.8072	1131.539	64.22365	161.0256	215.7119	118.2679	1209.482	962.6332	1026.186	1327.855
Q9GLZ7	WDR12_HUMAN	WDR12	Ribosome biogenesis protein WDR12	2	8.128	2.86E-02	7.986294	64.91617	16.24867	8.025315	3.047755	4.623434	64.2637	55.79639	62.25303	77.35154
Q93009	UBP7_HUMAN	USP7	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 7	2	8.134	2.86E-02	5.466705	44.46818	11.18415	0	10.68267	0	46.07218	41.57731	30.24385	59.97939
P43897	EFTS_HUMAN	TSM	Elongation factor Ts, mitochondrial	1	8.231	2.86E-02	4.28294	39.74475	0	0	19.31576	0	40.38415	29.32426	49.19288	40.07772
Q8WXX5	DNJC9_HUMAN	DNJC9	DnaJ homolog subfamily C member 9	2	8.273	2.86E-02	6.876467	56.89026	27.50587	0	0	0	68.92602	52.23539	46.81468	59.58496
P53999	TCP4_HUMAN	SUB1	Activated RNA polymerase II transcriptional coactivator p15	3	8.449	2.86E-02	106.7408	901.8666	141.2953	98.61421	101.9467	85.1069	704.8662	555.3583	1240.174	1107.068
P31483	TIA1_HUMAN	TIA1	Nucleolysin TIA-1 isoform p40	1	8.621	2.86E-02	0.834458	7.194144	0.633877	2.703957	0	0	9.214437	7.87103	4.136879	7.55423
P52594	AGFG1_HUMAN	AGFG1	Arf-GAP domain and FG repeat-containing protein 1	1	8.813	2.86E-02	1.631337	14.37762	0	0	0	6.52535	14.30908	12.96747	17.8865	12.34744
Q27J81	INF2_HUMAN	INF2	Inverted formin-2	2	9.065	2.86E-02	7.457286	67.59858	11.86591	3.307529	4.703392	9.952311	68.34111	58.29962	63.2123	80.5413

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q14011	CIRBP_HUMAN	CIRBP	Cold-inducible RNA-binding protein	3	9.113	2.86E-02	27.44424	250.1023	19.24356	41.21139	38.54279	10.77923	246.1111	273.3303	217.7557	263.2119
O75955	FLOT1_HUMAN	FLOT1	Flotillin-1	2	9.279	2.86E-02	3.30926	30.70733	0	13.23704	0	0	26.02506	37.42706	39.80996	19.56726
Q15393	SF3B3_HUMAN	SF3B3	Splicing factor 3B subunit 3	2	9.340	2.86E-02	26.47008	247.2192	0	0	77.12107	28.75925	265.3198	269.5755	234.4631	219.5186
A6NDG6	PGP_HUMAN	PGP	Phosphoglycolate phosphatase	1	9.520	2.86E-02	3.386347	32.23786	0	0	0	13.54539	35.2556	25.49466	39.21041	28.99075
Q08J23	NSUN2_HUMAN	NSUN2	tRNA [cytosine(34)-C(5)]-methyltransferase	11	9.604	2.86E-02	61.55451	591.1606	65.79008	57.72595	58.31993	64.38209	634.5331	583.1429	520.9169	626.0493
Q5TFE4	NITSD1_HUMAN	NITSDC1	5-nucleotidase domain-containing protein 1	3	9.667	2.86E-02	5.929789	57.32353	15.04747	0	0	8.671683	65.37418	60.03581	38.94861	64.93551
Q9BSD7	NTPCR_HUMAN	NTPCR	Cancer-related nucleoside-triphosphatase	1	9.693	2.86E-02	1.439975	13.95764	0	5.759901	0	0	16.33507	12.08691	15.78143	11.62717
P12004	PCNA_HUMAN	PCNA	Proliferating cell nuclear antigen	5	9.712	2.86E-02	78.75469	764.9015	263.6473	0	0	51.37149	824.4674	630.3885	946.306	658.4442
P52888	THOP1_HUMAN	THOP1	Thimet oligopeptidase	2	9.879	2.86E-02	5.554268	54.87326	0	0	0	22.21707	49.25951	70.15393	42.21814	57.86146
P46926	GNP1_HUMAN	GNPDA1	Glucosamine-6-phosphate isomerase 1	2	10.016	2.86E-02	5.046732	50.54789	0	16.66459	0	3.522338	19.98863	82.58974	35.06354	64.54965
P35244	RFA3_HUMAN	RPA3	Replication protein A 14 kDa subunit	2	10.122	2.86E-02	10.16024	102.8459	27.56268	0	13.07829	0	140.2425	109.9784	42.98756	118.1753
P10644	KAP0_HUMAN	PRKAR1A	cAMP-dependent protein kinase type I-alpha regulatory subunit	4	10.540	2.86E-02	11.25689	118.6488	27.53022	5.536013	4.453183	7.508141	129.3525	122.381	103.7517	119.1099
Q13596	SNX1_HUMAN	SNX1	Sorting nexin-1	5	10.573	2.86E-02	19.44094	205.5541	25.49305	26.1971	0	26.07359	196.9618	160.7518	297.6754	166.8276
Q6A1A2	PDPK2_HUMAN	PDPK2P	Putative 3-phosphoinositide-dependent protein kinase 2	1	10.778	2.86E-02	0.273689	2.949814	0	0	0	1.094754	2.883856	3.607798	1.975509	3.332093
P00813	ADA_HUMAN	ADA	Adenosine deaminase	1	10.872	2.86E-02	1.50946	16.41035	0	0	6.037838	0	17.80158	12.16998	14.4391	21.23073
P06493	CDK1_HUMAN	CDK1	Cyclin-dependent kinase 1	5	11.016	2.86E-02	14.22071	156.6592	55.18218	0	0	1.700674	181.449	106.5891	216.6765	121.9224
Q9H0W9	CK054_HUMAN	C11orf54	Ester hydrolase C11orf54	1	11.310	2.86E-02	3.892059	44.01738	0	15.56823	0	0	49.83595	44.19407	42.70777	39.33173
P49756	RBM25_HUMAN	RBM25	RNA-binding protein 25	2	11.486	2.86E-02	8.471515	97.29968	9.715115	0	0	24.17094	101.6555	81.70087	110.1669	95.67548
Q12874	SF3A3_HUMAN	SF3A3	Splicing factor 3A subunit 3	5	11.614	2.86E-02	19.92319	231.3924	43.69773	35.99505	0	0	303.8306	198.8401	222.9218	199.977
P35270	SPRE_HUMAN	SPR	Sepiapterin reductase	3	12.397	2.86E-02	12.56679	155.7902	0	24.41755	15.80219	10.04744	207.9648	61.2985	167.2538	186.6435
O96005	CLPT1_HUMAN	CLPTM1	Cleft lip and palate transmembrane protein 1	1	12.447	2.86E-02	0.847987	10.55478	1.146822	0	0	2.245124	11.3252	7.004594	12.27074	11.61859
P23588	IF4B_HUMAN	EIF4B	Eukaryotic translation initiation factor 4B	2	13.081	2.86E-02	3.432069	44.89351	5.368068	0.752215	3.534864	4.07313	11.05393	24.09075	35.46324	108.9661
Q6F81	CPIN1_HUMAN	CIAPIN1	Anamorsin	3	14.083	2.86E-02	15.04315	211.846	25.03854	16.42224	0	18.71181	230.8356	178.9777	244.9851	192.5857
P26440	IVD_HUMAN	IVD	Isovaleryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	2	15.314	2.86E-02	5.343553	81.83106	0	0	21.37421	0	101.7318	42.26681	94.7585	88.56713
Q9H4A6	GOLP3_HUMAN	GOLPH3	Golgi phosphoprotein 3	4	16.477	2.86E-02	6.943707	114.413	5.847736	21.92709	0	0	122.6156	58.8645	141.2334	134.9386
O95793	STAU1_HUMAN	STAU1	Double-stranded RNA-binding protein Staufen homolog 1	5	16.986	2.86E-02	18.71758	317.9375	56.73238	18.13794	0	0	269.9737	264.4915	417.7348	319.5499
P50579	MAP2_HUMAN	METAP2	Methionine aminopeptidase 2	3	17.089	2.86E-02	4.6161	78.88625	18.4644	0	0	0	65.65392	89.33515	113.6442	46.91168
Q14694	UBP10_HUMAN	USP10	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 10	5	17.377	2.86E-02	10.46181	181.7923	41.84723	0	0	0	208.2107	149.8362	154.5944	214.5281
P10599	THIO_HUMAN	TXN	Thioredoxin	4	17.558	2.86E-02	54.49423	956.8001	59.20782	14.86426	47.01617	96.88868	994.3793	762.7489	1176.881	893.1913
Q9NQ39	RS10L_HUMAN	RPS10P5	Putative 40S ribosomal protein S10-like	2	17.665	2.86E-02	8.608432	152.0695	16.62202	0	0	17.81171	131.9012	117.6376	198.8999	159.8393
P23921	RIR1_HUMAN	RRM1	Ribonucleoside-diphosphate reductase large subunit	3	18.351	2.86E-02	6.583946	120.8202	20.90738	0	0	5.4284	116.8462	121.7414	102.9723	141.7211
O94925	GLSK_HUMAN	GLS	Glutaminase kidney isoform, mitochondrial	4	18.838	2.86E-02	6.765662	127.4486	0	27.06265	0	0	133.6373	163.6094	76.863	135.6846
P49005	DPOD2_HUMAN	POLD2	DNA polymerase delta subunit 2	2	19.737	2.86E-02	2.968507	58.58846	11.87403	0	0	0	69.80762	25.72726	69.52754	69.29141

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9YSY2	HUBP2_HUMAN	HUBP2	Cytosolic Fe-S cluster assembly factor HUBP2	2	21.294	2.86E-02	1.873612	39.89645	0	7.494449	0	0	30.12705	38.29599	40.2896	50.87315
Q15427	SF3B4_HUMAN	SF3B4	Splicing factor 3B subunit 4	2	21.344	2.86E-02	3.907746	83.40504	0	0	0	15.63098	100.4518	71.45261	81.14877	80.54702
Q14980	HUMA1_HUMAN	HUMA1	Nuclear mitotic apparatus protein 1	10	21.590	2.86E-02	16.36504	353.3203	54.31374	0	11.14641	0	375.7574	368.2645	355.7716	313.4877
Q16762	THTR_HUMAN	TST	Thiosulfate sulfurtransferase	2	22.076	2.86E-02	8.473667	187.0616	0	33.89467	0	0	209.6517	184.8508	176.5668	177.1771
Q9Y257	PDIP2_HUMAN	POLDIP2	Polymerase delta-interacting protein 2	3	22.472	2.86E-02	2.950156	66.2954	0	0	11.80062	0	77.27581	25.1956	81.38859	81.32159
P61970	NTF2_HUMAN	NUTF2	Nuclear transport factor 2	3	22.762	2.86E-02	11.63584	264.8602	10.54297	20.4499	0	15.55049	296.498	254.8635	258.3351	249.7441
P41091	IF2G_HUMAN	EIF2S3	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3	1	22.916	2.86E-02	4.301082	98.56209	0	0	0	17.20433	72.70674	117.1309	87.02434	117.3864
P17516	AK1C4_HUMAN	AKR1C4	Aldo-keto reductase family 1 member C4	2	23.667	2.86E-02	16.88148	399.5272	0	0	10.62943	56.89648	394.1609	250.0952	473.2629	480.5897
P15170	ERF3A_HUMAN	GSPT1	Eukaryotic peptide chain release factor GTP-binding subunit ERF3A	3	25.864	2.86E-02	4.211438	108.9226	0	0	0	16.84575	76.30944	113.7831	105.6603	139.9376
Q60493	SNX3_HUMAN	SNX3	Sorting nexin-3	3	27.665	2.86E-02	4.290105	118.6869	0	0	0	17.16042	98.3071	121.8494	142.4525	112.1387
O75534	CSD1_HUMAN	CSD1	Cold shock domain-containing protein E1	5	29.238	2.86E-02	5.745824	168.5832	0	16.06448	0	6.998816	161.7401	145.1094	173.8688	193.6147
Q4G0N4	NAKD2_HUMAN	NADK2	NAD kinase 2, mitochondrial	3	33.528	2.86E-02	2.757176	92.44314	0	0	11.0287	0	73.36794	123.22	77.1318	96.05277
P62993	GRB2_HUMAN	GRB2	Growth factor receptor-bound protein 2	2	37.337	2.86E-02	2.819362	105.2673	0	11.27745	0	0	130.5958	17.57794	161.1684	111.7272
P00966	ASSY_HUMAN	ASS1	Argininosuccinate synthase	8	40.644	2.86E-02	17.36239	705.6746	0	29.68236	39.76722	0	854.0768	622.9785	598.0487	747.5944
O75832	PSD10_HUMAN	PSMD10	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 10	4	45.963	2.86E-02	2.37831	109.3135	0	0	0	9.513239	134.3595	107.7853	117.4147	77.69453
P55809	SCOT1_HUMAN	OXC11	Succinyl-CoA:3-ketoacid coenzyme A transferase 1, mitochondrial	9	46.169	2.86E-02	21.15446	976.6852	25.02474	19.26122	27.49634	12.83555	1157.221	964.0537	756.5958	1028.87
P52292	IMA1_HUMAN	KPNA2	Importin subunit alpha-1	6	46.842	2.86E-02	4.135214	193.7033	16.54086	0	0	0	216.8995	96.7119	226.5491	234.6527
P63208	SKP1_HUMAN	SKP1	S-phase kinase-associated protein 1	3	47.385	2.86E-02	2.323222	110.0869	3.680706	5.612181	0	0	129.1632	130.8211	93.21966	87.14375
Q15424	SAFB1_HUMAN	SAFB	Scaffold attachment factor B1	2	52.492	2.86E-02	1.027453	53.93334	0	0	4.109811	0	60.24563	10.10981	95.44798	49.92995
Q14134	TRIM29_HUMAN	TRIM29	Tripartite motif-containing protein 29	5	52.579	2.86E-02	9.818597	516.2553	39.27439	0	0	0	529.2636	343.5424	644.7435	547.4716
O14732	IMPA2_HUMAN	IMPA2	Inositol monophosphatase 2	2	65.926	2.86E-02	0.390618	25.75177	0	0	1.562474	0	25.79364	36.76747	29.00745	11.43853
P15121	ALDR_HUMAN	AKR1B1	Aldose reductase	15	72.544	2.86E-02	76.51134	5550.404	42.64262	102.9765	107.013	53.41318	4867.082	8730.231	3021.226	5583.079
P42330	AK1C3_HUMAN	AKR1C3	Aldo-keto reductase family 1 member C3	7	84.301	2.86E-02	7.294638	614.945	0	8.824692	20.35386	0	650.0628	330.6331	660.0719	819.0123
P42166	LAP2A_HUMAN	TMPO	Lamina-associated polypeptide 2, isoform alpha	6	85.546	2.86E-02	4.59581	393.1536	18.38324	0	0	0	404.2908	343.2766	415.3866	409.6605
Q9UKV3	ACIN1_HUMAN	ACIN1	Apoptotic chromatin condensation inducer in the nucleus	5	131.460	2.86E-02	0.983483	129.2886	3.933932	0	0	0	186.1537	154.6701	37.56266	138.768
P09104	ENOG_HUMAN	ENO2	Gamma-enolase	2	150.253	2.86E-02	2.457186	369.2001	9.828742	0	0	0	191.2907	264.7407	491.0295	529.7393
Q14566	MCM6_HUMAN	MCM6	DNA replication licensing factor MCM6	14	183.681	2.86E-02	5.305979	974.6057	21.22392	0	0	0	1056.295	1032.264	800.7358	1009.129
P33991	MCM4_HUMAN	MCM4	DNA replication licensing factor MCM4	12	230.947	2.86E-02	3.32765	768.5119	13.3106	0	0	0	831.95	812.6923	613.4481	815.9572
P33993	MCM7_HUMAN	MCM7	DNA replication licensing factor MCM7	12	256.081	2.86E-02	3.506207	897.8731	14.02483	0	0	0	995.6762	1073.991	614.7861	907.0393
P08670	VIME_HUMAN	VIM	Vimentin	16		2.86E-02	6340.507	0	7318.617	4723.627	4834.351	8485.434	1	0	0	0
P20591	MX1_HUMAN	MX1	Interferon-induced GTP-binding protein Mx1	14		2.86E-02	1924.399	0	1169.101	2744.129	2712.458	1071.908	1	0	0	0
Q9Y6N5	SQRD_HUMAN	SQRDL	Sulfide:quinone oxidoreductase, mitochondrial	14		2.86E-02	1828.577	0	1243.163	2027.096	2217.648	1826.403	1	0	0	0
P02751	FN1_HUMAN	FN1	Fibronectin	9		2.86E-02	512.2639	0	846.5461	321.0588	359.3423	522.1085	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P09914	IFI1_HUMAN	IFI1	Interferon-induced protein with tetrapeptide repeats 1	7	only in HCKIT	2.86E-02	351.034	0	275.8216	489.8166	508.181	130.3167	1	0	0	0
Q13753	LAMC2_HUMAN	LAMC2	Laminin subunit gamma-2	7	only in HCKIT	2.86E-02	238.694	0	321.3374	131.5949	185.6602	316.1835	1	0	0	0
P49419	AL7A1_HUMAN	ALDH7A1	Alpha-aminoacidic semialdehyde dehydrogenase	7	only in HCKIT	2.86E-02	411.1434	0	345.8646	542.5108	552.2337	204.0443	1	0	0	0
Q13751	LAMB3_HUMAN	LAMB3	Laminin subunit beta-3	7	only in HCKIT	2.86E-02	511.0286	0	371.7878	564.3502	499.5213	608.455	1	0	0	0
P02538	K2C6A_HUMAN	KRT6A	Keratin, type II cytoskeletal 6A	7	only in HCKIT	2.86E-02	2167.164	0	1985.68	2099.692	2110.2	2473.083	1	0	0	0
Q01813	PFKAP_HUMAN	PFKP	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, platelet type	6	only in HCKIT	2.86E-02	143.367	0	132.6028	87.00439	175.0485	178.8123	1	0	0	0
P07203	GPX1_HUMAN	GPX1	Glutathione peroxidase 1	6	only in HCKIT	2.86E-02	389.3075	0	195.7551	556.198	490.7108	314.5662	1	0	0	0
P17301	ITGA2_HUMAN	ITGA2	Integrin alpha-2	6	only in HCKIT	2.86E-02	169.3118	0	217.7176	151.0815	157.6049	150.8434	1	0	0	0
Q43795	MYO1B_HUMAN	MYO1B	Unconventional myosin-Ib	4	only in HCKIT	2.86E-02	161.1289	0	117.3118	68.2625	202.1278	256.8135	1	0	0	0
Q13451	FKBP5_HUMAN	FKBP5	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP5	4	only in HCKIT	2.86E-02	166.6687	0	170.6273	136.398	181.774	177.8756	1	0	0	0
P12532	KCRJ_HUMAN	CKMT1A	Creatine kinase U-type, mitochondrial	4	only in HCKIT	2.86E-02	400.2815	0	213.1482	606.5726	592.0187	189.3866	1	0	0	0
Q14879	IFI3_HUMAN	IFI3	Interferon-induced protein with tetrapeptide repeats 3	4	only in HCKIT	2.86E-02	254.371	0	247.5204	342.32	326.0773	101.5663	1	0	0	0
P49589	SYCC_HUMAN	CARS	Cysteine--RNA ligase, cytoplasmic	3	only in HCKIT	2.86E-02	63.59559	0	58.55853	72.64791	45.27713	77.89879	1	0	0	0
P10253	LYAG_HUMAN	GAA	Lysosomal alpha-glucosidase	3	only in HCKIT	2.86E-02	148.3856	0	90.10059	206.5532	208.108	88.78047	1	0	0	0
Q14745	NHRF1_HUMAN	SLC9A3R1	Na(+)/H(+) exchange regulatory cofactor NHE-RF1	3	only in HCKIT	2.86E-02	82.42945	0	98.85556	108.089	107.6252	15.148	1	0	0	0
Q9Y6M1	IF2B2_HUMAN	IGF2BP2	Insulin-like growth factor 2 mRNA-binding protein 2	3	only in HCKIT	2.86E-02	145.5186	0	102.7432	191.5043	188.9697	98.85719	1	0	0	0
Q96CX2	KCD12_HUMAN	KCTD12	BTB/POZ domain-containing protein KCTD12	3	only in HCKIT	2.86E-02	82.58591	0	113.4404	45.28521	57.87629	113.7417	1	0	0	0
P15104	GLNA_HUMAN	GLUL	Glutamine synthetase	3	only in HCKIT	2.86E-02	136.0025	0	119.8766	227.0839	164.2949	32.75481	1	0	0	0
Q14896	IRF6_HUMAN	IRF6	Interferon regulatory factor 6	3	only in HCKIT	2.86E-02	112.1771	0	121.1833	146.1383	144.6952	36.69183	1	0	0	0
Q01469	FABP5_HUMAN	FABP5	Fatty acid-binding protein, epidermal	3	only in HCKIT	2.86E-02	122.9936	0	132.6515	124.3728	71.13203	163.818	1	0	0	0
Q9NR12	PDL17_HUMAN	PDLIM7	PDZ and LIM domain protein 7	3	only in HCKIT	2.86E-02	120.6783	0	135.6139	54.43689	139.6821	152.9802	1	0	0	0
Q00425	IF2B3_HUMAN	IGF2BP3	Insulin-like growth factor 2 mRNA-binding protein 3	3	only in HCKIT	2.86E-02	136.3869	0	136.4986	146.7961	157.2855	104.9676	1	0	0	0
P30740	ILEU_HUMAN	SERPINB1	Leukocyte elastase inhibitor	3	only in HCKIT	2.86E-02	181.022	0	155.0847	148.4233	159.1487	261.4311	1	0	0	0
P41219	PERI_HUMAN	PRPH	Peripherin	3	only in HCKIT	2.86E-02	664.2501	0	780.3583	438.3572	463.9242	974.3605	1	0	0	0
Q9Y5P6	GMPPB_HUMAN	GMPPB	Mannose-1-phosphate guanyltransferase beta	2	only in HCKIT	2.86E-02	24.49951	0	12.88856	20.20755	31.94952	32.9524	1	0	0	0
P53621	COPA_HUMAN	COPA	Coatomer subunit alpha	2	only in HCKIT	2.86E-02	33.20681	0	19.21272	18.92308	33.50667	61.18476	1	0	0	0
Q13217	DNJC3_HUMAN	DNJC3	DnaJ homolog subfamily C member 3	2	only in HCKIT	2.86E-02	42.94806	0	24.09706	23.99285	63.31523	60.38711	1	0	0	0
P35914	HMGCL_HUMAN	HMGCL	Hydroxymethylglutaryl-CoA lyase, mitochondrial	2	only in HCKIT	2.86E-02	74.87338	0	29.6242	113.213	113.0198	43.63649	1	0	0	0
Q03154	ACY1_HUMAN	ACY1	Aminoacylase-1	2	only in HCKIT	2.86E-02	37.3323	0	33.55245	52.5904	45.79174	17.39459	1	0	0	0
Q08257	QOR_HUMAN	CRYZ	Quinone oxidoreductase	2	only in HCKIT	2.86E-02	89.03499	0	49.97157	118.9602	104.1649	83.04326	1	0	0	0
Q13642	FHL1_HUMAN	FHL1	Four and a half LIM domains protein 1	2	only in HCKIT	2.86E-02	56.52415	0	53.74561	59.05312	48.37369	64.92419	1	0	0	0
Q9NZ08	ERAP1_HUMAN	ERAP1	Endoplasmic reticulum aminopeptidase 1	2	only in HCKIT	2.86E-02	54.5593	0	53.76184	36.76827	79.44571	48.26139	1	0	0	0
P20592	MX2_HUMAN	MX2	Interferon-induced GTP-binding protein Mx2	2	only in HCKIT	2.86E-02	72.5962	0	64.99469	85.66568	111.9019	27.82256	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q8WWM9	CYGB_HUMAN	CYGB	Cytoglobin	2	only in HCKIT	2.86E-02	44.20219	0	67.44579	14.42572	44.94884	49.98841	1	0	0	0
O15231	ZNF185_HUMAN	ZNF185	Zinc finger protein 185	2	only in HCKIT	2.86E-02	81.2051	0	93.75046	84.05	98.6195	48.40043	1	0	0	0
Q98W04	SARG_HUMAN	SARG	Specifically androgen-regulated gene protein	2	only in HCKIT	2.86E-02	77.74533	0	96.21779	70.4552	71.03443	73.27389	1	0	0	0
Q16787	LAMA3_HUMAN	LAMA3	Laminin subunit alpha-3	2	only in HCKIT	2.86E-02	61.42425	0	96.89143	44.78897	34.20406	69.81254	1	0	0	0
P01040	CYTA_HUMAN	CSTA	Cystatin-A	2	only in HCKIT	2.86E-02	102.2402	0	121.7352	118.3486	101.6185	67.2586	1	0	0	0
P13928	ANXA8_HUMAN	ANXA8	Annexin A8	2	only in HCKIT	2.86E-02	125.0449	0	127.4815	171.643	125.9443	75.11068	1	0	0	0
P10301	RRAS_HUMAN	RRAS	Ras-related protein R-Ras	2	only in HCKIT	2.86E-02	122.4836	0	143.584	107.3043	102.692	136.354	1	0	0	0
Q9HCY8	S10A1_HUMAN	S10A14	Protein S100-A14	2	only in HCKIT	2.86E-02	120.1863	0	174.0118	92.00146	96.32148	118.4105	1	0	0	0
P05109	S10A8_HUMAN	S100A8	Protein S100-A8	2	only in HCKIT	2.86E-02	366.2039	0	251.7651	345.4094	245.3288	622.3122	1	0	0	0
P29034	S10A2_HUMAN	S100A2	Protein S100-A2	2	only in HCKIT	2.86E-02	1865.67	0	2602.872	1325.666	1365.856	2168.287	1	0	0	0
O75879	GATB_HUMAN	GATB	Glutaryl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit B, mitochondrial	1	only in HCKIT	2.86E-02	3.296099	0	2.925086	2.920919	3.320146	4.018246	1	0	0	0
P18827	SDC1_HUMAN	SDC1	Syndecan-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	2.454051	0	3.527309	3.265982	3.022912	0	1	0	0	0
P02787	TRFE_HUMAN	TF	Serotransferrin	1	only in HCKIT	2.86E-02	8.680395	0	6.074991	10.13147	9.484863	9.030259	1	0	0	0
Q8IZW8	TENS4_HUMAN	TNS4	Tensin-4	1	only in HCKIT	2.86E-02	9.034715	0	6.906903	11.45517	11.33925	6.437535	1	0	0	0
O15533	TPSN_HUMAN	TAPBP	Tapasin	1	only in HCKIT	2.86E-02	9.673191	0	7.581361	8.23997	10.12369	12.74774	1	0	0	0
Q8IVF2	AHNAK2_HUMAN	AHNAK2	Protein AHNAK2	1	only in HCKIT	2.86E-02	16.92429	0	13.7083	15.10661	12.33298	26.54925	1	0	0	0
P23497	SP100_HUMAN	SP100	Nuclear autoantigen Sp-100	1	only in HCKIT	2.86E-02	21.53142	0	15.82663	25.6547	26.00574	18.63863	1	0	0	0
O15427	MOT4_HUMAN	SLC16A3	Monocarboxylate transporter 4	1	only in HCKIT	2.86E-02	15.83639	0	17.17392	19.49203	14.10751	12.57211	1	0	0	0
Q9P206	K1522_HUMAN	KIAA1522	Uncharacterized protein KIAA1522	1	only in HCKIT	2.86E-02	19.61854	0	17.50669	22.68877	23.67223	14.60648	1	0	0	0
Q92947	GCDH_HUMAN	GCDH	Glutaryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	1	only in HCKIT	2.86E-02	29.1102	0	19.33284	37.36838	37.81523	21.92436	1	0	0	0
Q9UQB8	BAIP2_HUMAN	BAIP2	Brain-specific angiogenesis inhibitor 1-associated protein 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	14.88244	0	22.15728	13.08701	12.13778	12.14767	1	0	0	0
Q92597	NDRG1_HUMAN	NDRG1	Protein NDRG1	1	only in HCKIT	2.86E-02	19.83574	0	22.75788	9.134364	21.23077	26.21995	1	0	0	0
O60613	SEP15_HUMAN	42248	15 kDa selenoprotein	1	only in HCKIT	2.86E-02	23.38564	0	24.21068	24.29291	23.95615	21.0828	1	0	0	0
Q6NXG1	ESRP1_HUMAN	ESRP1	Epithelial splicing regulatory protein 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	23.27114	0	24.25938	32.97142	14.71973	21.13403	1	0	0	0
P17900	SAP3_HUMAN	GM2A	Ganglioside GM2 activator	1	only in HCKIT	2.86E-02	23.535	0	31.20687	11.36747	18.60595	32.95971	1	0	0	0
O95834	EMAL2_HUMAN	EML2	Echinoderm microtubule-associated protein-like 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.8826	0	33.85275	32.32515	35.8455	41.50699	1	0	0	0
Q9UBC5	MYO1A_HUMAN	MYO1A	Unconventional myosin-1a	1	only in HCKIT	2.86E-02	49.06384	0	34.4777	27.15497	40.73433	93.88835	1	0	0	0
P29373	RABP2_HUMAN	CRABP2	Cellular retinoic acid-binding protein 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	39.41731	0	36.83141	55.97178	49.44728	15.41876	1	0	0	0
Q8WUP2	FBLN1_HUMAN	FBLN1	Filamin-binding LIM protein 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	28.45709	0	37.90275	26.1394	28.45459	21.33161	1	0	0	0
O60443	DFNA5_HUMAN	DFNA5	Non-syndromic hearing impairment protein 5	1	only in HCKIT	2.86E-02	37.38435	0	38.00014	33.32918	43.19206	35.01604	1	0	0	0
P61513	RL37A_HUMAN	RPL37A	60S ribosomal protein L37a	1	only in HCKIT	2.86E-02	38.23981	0	38.60074	38.9379	38.26774	37.15286	1	0	0	0
P04424	ARLY_HUMAN	ASL	Argininosuccinate lyase	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.24079	0	39.01467	34.1601	35.59707	32.19134	1	0	0	0
Q9UGI8	TES_HUMAN	TES	Testin	1	only in HCKIT	2.86E-02	48.22861	0	40.20775	56.318	56.155	40.23368	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O14933	UBE2L6_HUMAN	UBE2L6	Ubiquitin/ISG15-conjugating enzyme E2 L6	1	only in HCKIT	2.86E-02	42.13815	0	44.36326	49.0359	48.72859	26.42485	1	0	0	0
Q29963	IC06_HUMAN	HLA-C	HLA class I histocompatibility antigen, Cw-6 alpha chain	1	only in HCKIT	2.86E-02	66.5861	0	45.28851	95.30206	95.02608	30.72776	1	0	0	0
P17096	HMG1_HUMAN	HMG1	High mobility group protein HMG-I/HMG-Y	1	only in HCKIT	2.86E-02	45.97025	0	57.81183	38.1993	49.38517	38.48471	1	0	0	0
Q8TEA8	DTD1_HUMAN	DTD1	D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	57.45205	0	67.12926	51.30939	47.72598	63.64357	1	0	0	0
P17461	DESM_HUMAN	DES	Desmin	1	only in HCKIT	2.86E-02	75.59409	0	69.57224	97.31012	74.81418	60.67983	1	0	0	0
P17540	KCRS_HUMAN	CKMT2	Creatine kinase S-type, mitochondrial	1	only in HCKIT	2.86E-02	135.5711	0	93.25537	197.4592	188.2776	63.29231	1	0	0	0
P26232	CTNA2_HUMAN	CTNNA2	Catenin alpha-2	1	only in HCKIT	2.86E-02	103.5795	0	106.4848	113.7785	110.9968	83.05789	1	0	0	0
P09758	TACD2_HUMAN	TACSTD2	Tumor-associated calcium signal transducer 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	122.1962	0	142.3585	136.1788	160.6837	49.56397	1	0	0	0
Q9Y5E1	PCDB9_HUMAN	PCDH89	Protocadherin beta-9	1	only in HCKIT	2.86E-02	113.5134	0	156.0749	115.8674	96.71188	85.39961	1	0	0	0
P18510	IL1RA_HUMAN	IL1RN	Interleukin-1 receptor antagonist protein	1	only in HCKIT	2.86E-02	268.8534	0	220.5989	347.7944	252.8705	254.1498	1	0	0	0
Q08380	LG3BP_HUMAN	LGALS3BP	Galectin-3-binding protein	7	only in HCKIT	2.86E-02	806.8493	0	293.3825	1335.909	1320.663	277.4426	1	0	0	0
P36969	GPX4_HUMAN	GPX4	Phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase, mitochondrial	2	only in HCKIT	2.86E-02	69.899	0	23.69125	111.632	107.8737	36.39911	1	0	0	0
P27105	STOM_HUMAN	STOM	Erythrocyte band 7 integral membrane protein	2	only in HCKIT	2.86E-02	148.9812	0	45.3372	235.6008	249.2505	65.73648	1	0	0	0
Q95168	NDUF4_HUMAN	NDUF4	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 4	2	only in HCKIT	1.14E-01	41.58335	0	60.5957	57.78365	0	47.95404	1	0	0	0
Q96AZ6	ISG20_HUMAN	ISG20	Interferon-stimulated gene 20 kDa protein	2	only in HCKIT	1.14E-01	80.90661	0	100.6736	107.1115	115.8413	0	1	0	0	0
Q9P1F3	ABRAL_HUMAN	ABRA1	Costars family protein ABRA1	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.85486	0	0	20.70379	19.19154	19.52409	1	0	0	0
Q53H12	AGK_HUMAN	AGK	Acylglycerol kinase, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	25.35064	0	0	43.10404	26.33402	31.96448	1	0	0	0
O14967	CLGN_HUMAN	CLGN	Calmequin	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.93242	0	0	25.26232	21.8001	12.66724	1	0	0	0
Q94808	GFPT2_HUMAN	GFPT2	Glutamine-fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	36.34164	0	0	62.16907	71.24738	11.95009	1	0	0	0
Q53T59	H1BP3_HUMAN	HS1BP3	HCLS1-binding protein 3	1	only in HCKIT	1.14E-01	3.778855	0	0	5.169023	5.148799	4.797599	1	0	0	0
P69905	HBA_HUMAN	HBA1	Hemoglobin subunit alpha	1	only in HCKIT	1.14E-01	61.52431	0	0	155.6823	71.30061	19.11429	1	0	0	0
P78344	IF4G2_HUMAN	EIF4G2	Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	24.60811	0	0	30.42095	36.36899	31.6425	1	0	0	0
Q15599	NHRF2_HUMAN	SLC9A3R2	Na(+)/H(+) exchange regulatory cofactor NHE-RF2	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.82302	0	0	8.371532	8.917013	10.00354	1	0	0	0
Q9BZQ8	NIBAN_HUMAN	FAM129A	Protein Niban	1	only in HCKIT	1.14E-01	25.74473	0	0	33.16761	36.61743	33.19388	1	0	0	0
Q9BPW8	NIPSN1_HUMAN	NIPSNAP1	Protein NipSnap homolog 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	43.32765	0	0	53.6829	99.90604	19.72168	1	0	0	0
Q460N5	PAR14_HUMAN	PARP14	Poly [ADP-ribose] polymerase 14	1	only in HCKIT	1.14E-01	3.252287	0	0	3.6976	4.39906	4.91249	1	0	0	0
P35558	PCKGC_HUMAN	PCK1	Phosphoenolpyruvate carboxykinase, cytosolic [GTP]	1	only in HCKIT	1.14E-01	27.80047	0	0	46.24308	46.51043	18.44837	1	0	0	0
Q08209	PP2BA_HUMAN	PPP3CA	Serine/threonine-protein phosphatase 2B catalytic subunit alpha isoform	1	only in HCKIT	1.14E-01	33.33972	0	0	45.64297	43.66231	44.05361	1	0	0	0
Q9BRX5	PSF3_HUMAN	GIN3	DNA replication complex GINS protein PSF3	1	only in HCKIT	1.14E-01	22.20386	0	0	26.61256	28.56993	33.63296	1	0	0	0
Q9BZE1	RM37_HUMAN	MRPL37	39S ribosomal protein L37, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	15.75175	0	0	22.01942	24.93215	16.05542	1	0	0	0
Q9Y512	SAM50_HUMAN	SAMM50	Sorting and assembly machinery component 50 homolog	1	only in HCKIT	1.14E-01	18.68911	0	0	32.94834	18.04697	23.76114	1	0	0	0
Q92599	SEPT8_HUMAN	SEPT8	Septin-8	1	only in HCKIT	1.14E-01	32.92525	0	0	57.10276	47.39769	27.20054	1	0	0	0
Q9UPY6	WASF3_HUMAN	WASF3	Wiskott-Aldrich syndrome protein family member 3	1	only in HCKIT	1.14E-01	7.30677	0	0	8.020699	8.890395	12.31599	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q6GMR7	FAAH2_HUMAN	FAAH2	Fatty-acid amide hydrolase 2	1	only in HCKIT	6.86E-01	0.345733	0	0.63972	0.454814	0	0.288397	1	0	0	0
Q9UIA9	XPO7_HUMAN	XPO7	Exportin-7	1	only in HCKIT	1.14E-01	2.44186	0	2.295267	3.220974	5.051199	0	1	0	0	0
Q9P0M9	RM27_HUMAN	MRP127	39S ribosomal protein L27, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	7.596332	0	5.932145	13.66404	10.78914	0	1	0	0	0
Q96CM8	ACSF2_HUMAN	ACSF2	Acyl-CoA synthetase family member 2, mitochondrial	1	only in HCKIT	2.84E-02	10.88769	0	6.166704	14.43726	19.02296	3.923845	1	0	0	0
P19012	K1C15_HUMAN	KRT15	Keratin, type I cytoskeletal 15	1	only in HCKIT	1.14E-01	11.39854	0	6.286012	19.35354	19.95459	0	1	0	0	0
Q5T9A4	ATD3B_HUMAN	ATAD3B	ATPase family AAA domain-containing protein 3B	1	only in HCKIT	1.14E-01	11.45671	0	7.768846	26.03554	12.02244	0	1	0	0	0
Q8N3F8	MILK1_HUMAN	MICAL1	MICAL-like protein 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.087928	0	9.025237	0	7.737838	7.588637	1	0	0	0
Q9Y2K6	UBP20_HUMAN	USP20	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 20	1	only in HCKIT	1.14E-01	8.747412	0	9.642069	0	17.36378	7.983803	1	0	0	0
Q53GQ0	DHB12_HUMAN	HSD17B12	Very-long-chain 3-oxoacyl-CoA reductase	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.203253	0	10.41311	6.250375	8.149529	0	1	0	0	0
Q16270	IBP7_HUMAN	IGFBP7	Insulin-like growth factor-binding protein 7	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.283697	0	13.22132	6.817017	5.09445	0	1	0	0	0
Q9Y2Q5	LTOR2_HUMAN	LAMTOR2	Regulator complex protein LAMTOR2	1	only in HCKIT	1.14E-01	12.48103	0	14.4631	29.49771	5.963308	0	1	0	0	0
Q08379	GOGA2_HUMAN	GOLGA2	Golgin subfamily A member 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	10.49136	0	16.75188	12.72925	0	12.4843	1	0	0	0
O75396	SC22B_HUMAN	SEC22B	Vesicle-trafficking protein SEC22b	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.80178	0	17.40118	27.48965	26.31628	0	1	0	0	0
Q9NPQ8	RIC8A_HUMAN	RIC8A	Synembryn-A	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.66775	0	17.75558	0	27.89561	25.01982	1	0	0	0
Q77434	MAVS_HUMAN	MAVS	Mitochondrial antiviral-signaling protein	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.62544	0	18.39135	26.70489	33.40553	0	1	0	0	0
Q14192	FHL2_HUMAN	FHL2	Four and a half LIM domains protein 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.38026	0	19.1624	17.47243	20.88622	0	1	0	0	0
P26640	SYVC_HUMAN	VAR5	Valine--tRNA ligase	1	only in HCKIT	1.14E-01	20.99332	0	19.40588	0	16.54749	48.0199	1	0	0	0
O00469	PLOD2_HUMAN	PLOD2	Procollagen-lysine,2-oxoglutarate 5-dioxygenase 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	11.07644	0	19.95778	0	10.53184	13.81615	1	0	0	0
Q8WXR4	MYO3B_HUMAN	MYO3B	Myosin-IIb	1	only in HCKIT	1.14E-01	23.98833	0	20.17692	0	30.73486	45.04153	1	0	0	0
Q9H173	SIL1_HUMAN	SIL1	Nucleotide exchange factor SIL1	1	only in HCKIT	1.14E-01	11.6159	0	20.72883	12.68309	13.05167	0	1	0	0	0
Q8NBJ5	GT251_HUMAN	COLGALT1	Procollagen galactosyltransferase 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	10.32816	0	20.78564	11.94449	8.582514	0	1	0	0	0
Q4KWH8	PLCH1_HUMAN	PLCH1	1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase epsilon-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	13.00963	0	22.23844	15.79905	14.00104	0	1	0	0	0
Q9Y5J7	TIM9_HUMAN	TIMM9	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim9	1	only in HCKIT	1.14E-01	26.5033	0	22.3399	63.53086	0	20.14245	1	0	0	0
Q8IWE2	NXP20_HUMAN	FAM114A1	Protein NOXP20	1	only in HCKIT	1.14E-01	16.17141	0	22.44946	21.11925	21.11691	0	1	0	0	0
P18077	RL35A_HUMAN	RPL35A	60S ribosomal protein L35a	1	only in HCKIT	1.14E-01	15.19014	0	22.48193	0	13.9833	24.29535	1	0	0	0
O00515	LAD1_HUMAN	LAD1	Ladinin-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.06544	0	23.3179	0	16.99112	35.95272	1	0	0	0
Q15654	TRIP6_HUMAN	TRIP6	Thyroid receptor-interacting protein 6	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.08461	0	23.9185	28.97838	23.44154	0	1	0	0	0
Q8WUF5	IASPP_HUMAN	PPP1R13L	RetA-associated inhibitor	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.12836	0	25.22521	17.58783	0	25.70038	1	0	0	0
P11166	GTR1_HUMAN	SLC2A1	Solute carrier family 2, facilitated glucose transporter member 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	16.51454	0	25.71218	30.38633	0	9.959629	1	0	0	0
O15027	SC16A_HUMAN	SEC16A	Protein transport protein Sec16A	1	only in HCKIT	1.14E-01	16.95696	0	25.77711	0	20.43371	21.61701	1	0	0	0
Q9UNNB	EPOR_HUMAN	PROCR	Endothelial protein C receptor	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.58909	0	26.69425	30.70947	0	12.95264	1	0	0	0
O15460	P4HA2_HUMAN	P4HA2	Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-2	1	only in HCKIT	1.14E-01	24.05376	0	27.12441	37.14911	31.94154	0	1	0	0	0
Q86X55	CARM1_HUMAN	CARM1	Histone-arginine methyltransferase CARM1	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.60213	0	27.2218	20.9346	0	30.2521	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O95394	AGM1_HUMAN	PGM3	Phosphoacetylglucosamine mutase	1	only in HCKIT	1.14E-01	20.14008	0	27.59515	20.11522	0	32.84994	1	0	0	0
P15144	AMPN_HUMAN	ANPEP	Aminopeptidase N	1	only in HCKIT	1.14E-01	20.89156	0	27.6195	13.66404	0	42.28269	1	0	0	0
O94855	SEC24D_HUMAN	SEC24D	Protein transport protein Sec24D	1	only in HCKIT	1.14E-01	20.89118	0	33.70666	21.69628	28.16179	0	1	0	0	0
Q8TDB8	GTR14_HUMAN	SLC2A14	Solute carrier family 2, facilitated glucose transporter member 14	1	only in HCKIT	1.14E-01	31.13878	0	36.76648	0	57.85855	29.93011	1	0	0	0
O15400	STX7_HUMAN	STX7	Syntaxin-7	1	only in HCKIT	1.14E-01	27.76528	0	37.39954	34.96794	38.69363	0	1	0	0	0
Q96EY5	MB12A_HUMAN	MB12A	Multivesicular body subunit 12A	1	only in HCKIT	1.14E-01	24.32017	0	37.71607	25.63162	0	33.93299	1	0	0	0
Q8NBF2	NHLRC2_HUMAN	NHLRC2	NHL repeat-containing protein 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	23.08221	0	39.26627	0	22.84707	30.21551	1	0	0	0
P30519	HMOX2_HUMAN	HMOX2	Heme oxygenase 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	21.98752	0	39.67208	23.18501	0	25.093	1	0	0	0
Q92520	FAM3C_HUMAN	FAM3C	Protein FAM3C	1	only in HCKIT	1.14E-01	46.72362	0	41.33591	73.66348	71.89508	0	1	0	0	0
P30475	IB39_HUMAN	HLA-B	HLA class I histocompatibility antigen, B-39 alpha chain	1	only in HCKIT	1.14E-01	34.46628	0	41.65244	60.7842	35.42849	0	1	0	0	0
Q8WX93	PALLD_HUMAN	PALLD	Palladin	1	only in HCKIT	1.14E-01	24.34965	0	48.76225	0	26.65344	21.9829	1	0	0	0
P12830	CADH1_HUMAN	CDH1	Cadherin-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	50.13789	0	57.82807	68.19325	74.53026	0	1	0	0	0
P29317	EPHA2_HUMAN	EPHA2	Ephrin type-A receptor 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	51.51496	0	99.01788	0	59.27817	47.76378	1	0	0	0
P49257	LMAN1_HUMAN	LMAN1	Protein ERGIC-53	1	only in HCKIT	1.14E-01	73.7356	0	106.1602	88.07766	100.7046	0	1	0	0	0
P15153	RAC2_HUMAN	RAC2	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	78.37559	0	141.9527	70.48983	0	101.0599	1	0	0	0
Q9UMD9	CO1A1_HUMAN	COL17A1	Collagen alpha-1(XVII) chain	1	only in HCKIT	2.86E-02	94.24782	0	180.4236	40.83055	37.40709	118.3301	1	0	0	0
Q562R1	ACTBL_HUMAN	ACTBL2	Beta-actin-like protein 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	106.0434	0	187.8905	133.5821	102.7009	0	1	0	0	0
Q9Y4F4	F179B_HUMAN	FAM179B	Protein FAM179B	1	only in HCKIT	1.14E-01	204.5344	0	254.2	0	378.0636	185.874	1	0	0	0
P31327	CPSM_HUMAN	CPS1	Carbamoyl-phosphate synthase [ammonia], mitochondrial	41	only in SIHa	2.86E-02	0	6572.811	1	0	0	0	7911.485	5123.131	5031.341	8225.288
P49736	MCM2_HUMAN	MCM2	DNA replication licensing factor MCM2	15	only in SIHa	2.86E-02	0	854.0226	1	0	0	0	893.201	940.4304	715.0465	867.4126
P25205	MCM3_HUMAN	MCM3	DNA replication licensing factor MCM3	13	only in SIHa	2.86E-02	0	744.3464	1	0	0	0	647.0789	885.3933	631.9632	812.9501
P10696	PPBN_HUMAN	ALPPL2	Alkaline phosphatase, placental-like	12	only in SIHa	2.86E-02	0	2467.427	1	0	0	0	2725.405	760.5949	3339.087	3044.621
P40261	NNMT_HUMAN	NNMT	Nicotinamide N-methyltransferase	8	only in SIHa	2.86E-02	0	841.2149	1	0	0	0	782.5461	753.6251	913.0144	915.6739
P15559	NQO1_HUMAN	NQO1	NAD(P)H dehydrogenase [quinone] 1	8	only in SIHa	2.86E-02	0	2818.813	1	0	0	0	2564.323	3682.654	2348.761	2679.514
P27694	RFA1_HUMAN	RPA1	Replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit	7	only in SIHa	2.86E-02	0	362.7183	1	0	0	0	337.2509	392.4799	298.23	422.9126
P21266	GSTM3_HUMAN	GSTM3	Glutathione S-transferase Mu 3	5	only in SIHa	2.86E-02	0	191.3495	1	0	0	0	198.5724	190.8154	201.1226	174.8877
Q96DG6	CMBL_HUMAN	CMBL	Carboxymethylenebutenolidase homolog	4	only in SIHa	2.86E-02	0	80.02674	1	0	0	0	92.44699	59.5864	71.26623	96.80733
Q96CB6	DCPS_HUMAN	DCPS	m7GpppX diphosphatase	4	only in SIHa	2.86E-02	0	64.44272	1	0	0	0	80.62759	60.77515	58.54183	57.8263
Q9COB1	FTO_HUMAN	FTO	Alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase FTO	4	only in SIHa	2.86E-02	0	92.17962	1	0	0	0	120.6354	44.37682	94.97167	108.7346
P07099	HYEP_HUMAN	EPHX1	Epoxide hydrolase 1	4	only in SIHa	2.86E-02	0	216.8358	1	0	0	0	179.0924	256.5665	185.6532	246.0312
P33992	MCM5_HUMAN	MCM5	DNA replication licensing factor MCM5	4	only in SIHa	2.86E-02	0	176.2212	1	0	0	0	131.6723	231.8859	135.7676	205.5591
P49321	NASP_HUMAN	NASP	Nuclear autoantigenic sperm protein	4	only in SIHa	2.86E-02	0	125.4944	1	0	0	0	96.27264	143.0575	150.675	111.9724
P15927	RFA2_HUMAN	RPA2	Replication protein A 32 kDa subunit	4	only in SIHa	2.86E-02	0	184.8133	1	0	0	0	191.6128	154.0728	211.7003	181.8675

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9UN37	VPS4A_HUMAN	VPS4A	Vacuolar protein sorting-associated protein 4A	4	only in SIHA	2.86E-02	0	218.3618	1	0	0	0	233.0227	227.2339	202.8469	210.3437
P35520	CBS_HUMAN	CBS	Cystathionine beta-synthase	3	only in SIHA	2.86E-02	0	81.81723	1	0	0	0	114.192	53.55623	36.27263	123.248
P08571	CD14_HUMAN	CD14	Monocyte differentiation antigen CD14	3	only in SIHA	2.86E-02	0	148.7512	1	0	0	0	196.4955	102.826	138.9052	156.7781
P30422	CLIP1_HUMAN	CLIP1	CAP-Gly domain-containing linker protein 1	3	only in SIHA	2.86E-02	0	46.17655	1	0	0	0	45.70598	44.71825	59.52908	34.75289
P46108	CRK_HUMAN	CRK	Adapter molecule crk	3	only in SIHA	2.86E-02	0	109.8794	1	0	0	0	78.81861	147.6929	98.64657	114.3596
Q9UMR2	DD19B_HUMAN	DDX19B	ATP-dependent RNA helicase DDX19B	3	only in SIHA	2.86E-02	0	160.4234	1	0	0	0	152.1442	141.8364	171.3507	176.3626
Q6P2E9	EDC4_HUMAN	EDC4	Enhancer of mRNA-decapping protein 4	3	only in SIHA	2.86E-02	0	82.36337	1	0	0	0	129.5955	69.22353	18.79582	111.8386
P34896	GLYC_HUMAN	SHMT1	Serine hydroxymethyltransferase, cytosolic	3	only in SIHA	2.86E-02	0	111.9386	1	0	0	0	105.3091	123.1951	91.0513	128.199
Q8TEX9	IPO4_HUMAN	IPO4	Importin-4	3	only in SIHA	2.86E-02	0	46.36132	1	0	0	0	48.31857	38.18799	23.97091	74.9678
Q16719	KYNU_HUMAN	KYNU	Kynureninase	3	only in SIHA	2.86E-02	0	40.22259	1	0	0	0	39.79501	63.44175	24.93718	32.71642
Q8N1F7	NUP93_HUMAN	NUP93	Nuclear pore complex protein Nup93	3	only in SIHA	2.86E-02	0	139.5068	1	0	0	0	143.752	117.9616	116.0324	180.2811
P52948	NUP98_HUMAN	NUP98	Nuclear pore complex protein Nup98-Nup96	3	only in SIHA	2.86E-02	0	50.3194	1	0	0	0	60.13119	48.91253	66.29997	25.9339
P05187	PPB1_HUMAN	ALPP	Alkaline phosphatase, placental type	3	only in SIHA	2.86E-02	0	673.5241	1	0	0	0	636.1352	266.6015	101.4012	777.3483
P31350	RIR2_HUMAN	RRM2	Ribonucleoside-diphosphate reductase subunit M2	3	only in SIHA	2.86E-02	0	95.36888	1	0	0	0	111.8109	70.14562	106.3731	93.14597
Q9UQE7	SMC3_HUMAN	SMC3	Structural maintenance of chromosomes protein 3	3	only in SIHA	2.86E-02	0	79.40321	1	0	0	0	98.12909	81.64272	72.42535	65.41569
Q9NQ88	TIGAR_HUMAN	TIGAR	Fructose-2,6-bisphosphatase TIGAR	3	only in SIHA	2.86E-02	0	84.21839	1	0	0	0	76.74176	69.81334	93.27962	97.03885
P10316	1A69_HUMAN	HLA-A	HLA class I histocompatibility antigen, A-69 alpha chain	2	only in SIHA	2.86E-02	0	63.00076	1	0	0	0	69.34139	65.58499	64.4114	52.66525
Q9NRN7	ADPPT_HUMAN	AASDHPPT	L-aminoadipate-semialdehyde dehydrogenase-phosphopantetheinyl transferase	2	only in SIHA	2.86E-02	0	36.57598	1	0	0	0	22.58257	39.64175	44.57636	39.50322
P30038	AL4A1_HUMAN	ALDH4A1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, mitochondrial	2	only in SIHA	2.86E-02	0	36.18299	1	0	0	0	36.40282	41.51916	47.41422	19.39576
Q9UBB4	ATX10_HUMAN	ATXN10	Ataxin-10	2	only in SIHA	2.86E-02	0	42.08626	1	0	0	0	56.64293	31.16014	17.16705	63.37493
O95816	BAG2_HUMAN	BAG2	BAG family molecular chaperone regulator 2	2	only in SIHA	2.86E-02	0	83.01526	1	0	0	0	91.79681	65.11979	119.7696	55.37482
O00499	BIN1_HUMAN	BIN1	Myc box-dependent-interacting protein 1	2	only in SIHA	2.86E-02	0	74.97613	1	0	0	0	94.09406	85.18157	50.8916	69.73729
P32970	CD70_HUMAN	CD70	CD70 antigen	2	only in SIHA	2.86E-02	0	54.74502	1	0	0	0	76.27553	52.02772	33.96437	56.71246
P24941	CDK2_HUMAN	CDK2	Cyclin-dependent kinase 2	2	only in SIHA	2.86E-02	0	40.01846	1	0	0	0	38.56161	51.27176	20.20475	50.0357
P42771	CDN2A_HUMAN	CDKN2A	Cyclin-dependent kinase inhibitor 2A	2	only in SIHA	2.86E-02	0	102.1464	1	0	0	0	102.5032	100.9319	124.4461	80.70422
P09543	CN37_HUMAN	CNP	2,3-cyclic-nucleotide 3-phosphodiesterase	2	only in SIHA	2.86E-02	0	37.0929	1	0	0	0	34.58677	49.39435	28.26567	36.12483
P20674	COX5A_HUMAN	COX5A	Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial	2	only in SIHA	2.86E-02	0	80.33715	1	0	0	0	100.8756	67.26304	98.50567	54.70429
P23786	CPT2_HUMAN	CPT2	Carnitine O-palmitoyltransferase 2, mitochondrial	2	only in SIHA	2.86E-02	0	53.07981	1	0	0	0	66.2134	49.01222	33.86445	63.22916
P33316	DUT_HUMAN	DUT	Deoxyuridine 5-triphosphate nucleotidohydrolase, mitochondrial	2	only in SIHA	2.86E-02	0	120.8032	1	0	0	0	74.32583	109.588	175.6874	123.6116
Q13630	FCL_HUMAN	TSTA3	GDP-L-fucose synthase	2	only in SIHA	2.86E-02	0	68.01973	1	0	0	0	73.10515	67.89438	50.0922	80.98718
O95302	FKBP9_HUMAN	FKBP9	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP9	2	only in SIHA	2.86E-02	0	104.1327	1	0	0	0	107.4368	135.9632	113.4344	59.69643
Q14254	FLOT2_HUMAN	FLOT2	Flotillin-2	2	only in SIHA	2.86E-02	0	41.02224	1	0	0	0	63.33971	40.2094	16.27772	44.26213
Q96124	FUBP3_HUMAN	FUBP3	Far upstream element-binding protein 3	2	only in SIHA	2.86E-02	0	70.8864	1	0	0	0	80.01386	53.00796	86.87445	63.64932

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P57764	GSDMD_HUMAN	GSDMD	Gasdermin-D	2	only in SIHa	2.86E-02	0	141.039	1	0	0	0	127.1372	126.4598	177.0264	133.5324
O14929	HAT1_HUMAN	HAT1	Histone acetyltransferase type B catalytic subunit	2	only in SIHa	2.86E-02	0	34.29356	1	0	0	0	38.23101	41.17857	18.71588	39.04877
O94992	HEX1_HUMAN	HEXIM1	Protein HEXIM1	2	only in SIHa	2.86E-02	0	54.42241	1	0	0	0	59.89808	35.2971	70.68666	51.80779
Q94R7	HPDL_HUMAN	HPDL	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase-like protein	2	only in SIHa	2.86E-02	0	51.04806	1	0	0	0	69.49397	52.00279	23.64216	59.05333
Q9HA64	KT3K_HUMAN	FK3KRP	Ketosamine-3-kinase	2	only in SIHa	2.86E-02	0	49.87164	1	0	0	0	63.89919	59.91951	30.63688	45.03099
Q53HB2	LACB2_HUMAN	LACTB2	Beta-lactamase-like protein 2	2	only in SIHa	2.86E-02	0	61.1375	1	0	0	0	78.32695	56.21452	57.86434	52.1422
Q96DH6	MSI2H_HUMAN	MSI2	RNA-binding protein Musashi homolog 2	2	only in SIHa	2.86E-02	0	57.32355	1	0	0	0	82.30264	29.89745	33.65461	83.43952
P08651	NFIC_HUMAN	NFIC	Nuclear factor 1 C-type	2	only in SIHa	2.86E-02	0	42.87611	1	0	0	0	56.87181	40.68014	14.53903	59.41346
Q8NFH3	NUP43_HUMAN	NUP43	Nucleoporin Nup43	2	only in SIHa	2.86E-02	0	59.74013	1	0	0	0	69.66351	66.07512	79.29017	23.93173
Q9LUX7	NUP50_HUMAN	NUP50	Nuclear pore complex protein Nup50	2	only in SIHa	2.86E-02	0	26.75421	1	0	0	0	24.16042	20.77038	38.8317	23.25434
Q9UBU9	NXF1_HUMAN	NXF1	Nuclear RNA export factor 1	2	only in SIHa	2.86E-02	0	29.77569	1	0	0	0	18.06436	41.41948	16.79733	42.8216
Q8N7H5	PAF1_HUMAN	PAF1	RNA polymerase II-associated factor 1 homolog	2	only in SIHa	2.86E-02	0	39.74567	1	0	0	0	56.43101	22.00565	35.14348	45.40255
Q9NRX4	PHF14_HUMAN	PHPT1	14 kDa phosphohistidine phosphatase	2	only in SIHa	2.86E-02	0	47.56374	1	0	0	0	50.19198	38.12154	79.27019	22.67127
O15355	PPM1G_HUMAN	PPM1G	Protein phosphatase 1G	2	only in SIHa	2.86E-02	0	97.65927	1	0	0	0	97.19662	79.66562	120.7489	93.02593
P30566	PUR8_HUMAN	ADSL	Adenylosuccinate lyase	2	only in SIHa	2.86E-02	0	64.39693	1	0	0	0	79.84432	75.28775	23.67214	78.7835
O60216	RAD21_HUMAN	RAD21	Double-strand-break repair protein rad21 homolog	2	only in SIHa	2.86E-02	0	46.8226	1	0	0	0	67.646	28.85906	34.0643	56.72104
Q16576	RBBP7_HUMAN	RBBP7	Histone-binding protein RBBP7	2	only in SIHa	2.86E-02	0	130.8064	1	0	0	0	120.576	45.29892	161.678	195.6726
P35249	RFC4_HUMAN	RFC4	Replication factor C subunit 4	2	only in SIHa	2.86E-02	0	38.64954	1	0	0	0	47.66585	46.05487	17.26697	43.61046
Q14683	SMC1A_HUMAN	SMC1A	Structural maintenance of chromosomes protein 1A	2	only in SIHa	2.86E-02	0	34.85505	1	0	0	0	45.13124	17.3038	38.5709	38.41425
Q9Y5M8	SRPRB_HUMAN	SRPRB	Signal recognition particle receptor subunit beta	2	only in SIHa	2.86E-02	0	40.50578	1	0	0	0	27.32119	29.03351	53.98926	51.67917
Q9BQ70	TCF25_HUMAN	TCF25	Transcription factor 25	2	only in SIHa	2.86E-02	0	47.47274	1	0	0	0	39.63818	30.4125	53.18987	66.65043
P04818	TYSY_HUMAN	TYMS	Thymidylate synthase	2	only in SIHa	2.86E-02	0	56.68376	1	0	0	0	31.68681	46.6696	79.31016	69.06847
P49459	UBE2A_HUMAN	UBE2A	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 A	2	only in SIHa	2.86E-02	0	72.90959	1	0	0	0	47.71671	68.6171	107.0592	68.24531
P30447	1A23_HUMAN	HLA-A	HLA class I histocompatibility antigen, A-23 alpha chain	1	only in SIHa	2.86E-02	0	84.31403	1	0	0	0	93.33114	83.56998	91.56091	68.79409
Q04826	1B40_HUMAN	HLA-B	HLA class I histocompatibility antigen, B-40 alpha chain	1	only in SIHa	2.86E-02	0	30.97967	1	0	0	0	28.77922	34.67407	32.91516	27.55022
P16219	ACADS_HUMAN	ACADS	Short-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	1	only in SIHa	2.86E-02	0	10.18542	1	0	0	0	15.08048	9.802444	6.315235	9.543539
P83916	CBX1_HUMAN	CBX1	Chromobox protein homolog 1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	27.36137	1	0	0	0	31.93264	19.92056	30.91667	26.67561
P45973	CBX5_HUMAN	CBX5	Chromobox protein homolog 5	1	only in SIHa	2.86E-02	0	32.65308	1	0	0	0	33.30591	22.51239	46.45495	28.33908
P21127	CD11B_HUMAN	CDK11B	Cyclin-dependent kinase 11B	1	only in SIHa	2.86E-02	0	17.23319	1	0	0	0	11.45235	12.20321	26.31015	18.96703
P11802	CDK4_HUMAN	CDK4	Cyclin-dependent kinase 4	1	only in SIHa	2.86E-02	0	29.36843	1	0	0	0	36.06939	28.65138	28.71833	24.03463
Q9BXW7	CECR5_HUMAN	CECR5	Cat eye syndrome critical region protein 5	1	only in SIHa	2.86E-02	0	15.24585	1	0	0	0	12.45263	11.23958	20.12481	17.16637
Q9Y3E7	CHMP3_HUMAN	CHMP3	Charged multivesicular body protein 3	1	only in SIHa	2.86E-02	0	30.22864	1	0	0	0	37.02729	30.15497	27.09955	26.63273
O76031	CLPX_HUMAN	CLPX	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit clpX-like, mitochondrial	1	only in SIHa	2.86E-02	0	25.26602	1	0	0	0	30.71196	21.05033	26.09031	23.21147

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O75746	CMC1_HUMAN	SLC25A12	Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aralar1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	24.05437	1	0	0	0	16.22487	33.95965	20.15479	25.87817
Q9H3G5	CPVL_HUMAN	CPVL	Probable serine carboxypeptidase CPVL	1	only in SIHa	2.86E-02	0	31.99191	1	0	0	0	38.12081	26.32538	34.87369	28.64777
P19784	CSK22_HUMAN	CNSK2A2	Casein kinase II subunit alpha	1	only in SIHa	2.86E-02	0	16.29445	1	0	0	0	18.88663	8.539756	18.3728	19.37862
Q96H08	DIRA2_HUMAN	DIRAS2	GTP-binding protein Di-Ras2	1	only in SIHa	2.86E-02	0	50.85259	1	0	0	0	47.58108	42.22527	68.15857	45.44543
Q12959	DLG1_HUMAN	DLG1	Disks large homolog 1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	11.2956	1	0	0	0	10.44359	10.38394	13.85954	10.49532
Q14195	DPYL3_HUMAN	DPYL3	Dihydropyrimidinase-related protein 3	1	only in SIHa	2.86E-02	0	19.83233	1	0	0	0	18.93749	16.39002	26.86973	17.13207
P00374	DYR_HUMAN	DHFR	Dihydrofolate reductase	1	only in SIHa	2.86E-02	0	43.69928	1	0	0	0	40.37568	35.61278	56.5873	42.22137
O60869	EDF1_HUMAN	EDF1	Endothelial differentiation-related factor 1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	64.19416	1	0	0	0	54.48131	26.71581	106.5196	69.0599
Q9H6T0	ESRP2_HUMAN	ESRP2	Epithelial splicing regulatory protein 2	1	only in SIHa	2.86E-02	0	6.115783	1	0	0	0	5.768559	3.648503	9.21105	5.835021
Q96CP2	FWCH2_HUMAN	FLYWCH2	FLYWCH family member 2	1	only in SIHa	2.86E-02	0	47.19943	1	0	0	0	50.03091	33.59414	57.6847	47.48618
Q16775	GLO2_HUMAN	HAGH	Hydroxyacylglutathione hydrolase, mitochondrial	1	only in SIHa	2.86E-02	0	32.99469	1	0	0	0	36.26436	30.58695	36.40253	28.72494
P22830	HEMH_HUMAN	FECH	Ferrocyclase, mitochondrial	1	only in SIHa	5.71E-02	0	1.925381	1	0	0	0	0.706045	1.278471	3.017723	2.699287
P84074	HPCA_HUMAN	HPCA	Neuron-specific calcium-binding protein hippocalcin	1	only in SIHa	2.86E-02	0	23.87745	1	0	0	0	27.04145	23.6837	23.3224	21.46225
O43837	IDH3B_HUMAN	IDH3B	Isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit beta, mitochondrial	1	only in SIHa	2.86E-02	0	20.78048	1	0	0	0	22.19264	19.08984	20.63443	21.20501
Q9Y547	IFT25_HUMAN	HSPB11	Intraflagellar transport protein 25 homolog	1	only in SIHa	2.86E-02	0	57.62062	1	0	0	0	49.71727	61.54772	65.19747	54.02003
Q96CN7	ISOC1_HUMAN	ISOC1	Isochorismatase domain-containing protein 1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	44.44657	1	0	0	0	49.76813	50.51581	34.90366	42.59866
Q14CN4	K2C72_HUMAN	KRT72	Keratin, type II cytoskeletal 72	1	only in SIHa	2.86E-02	0	20.1406	1	0	0	0	12.88495	26.70751	22.42308	18.54688
P13861	KAP2_HUMAN	PRKAR2A	cAMP-dependent protein kinase type II-alpha regulatory subunit	1	only in SIHa	2.86E-02	0	48.546	1	0	0	0	55.47311	47.72461	43.43722	47.54906
O60256	KPRB_HUMAN	PRPSAP2	Phosphoribosyl pyrophosphate synthase-associated protein 2	1	only in SIHa	2.86E-02	0	22.35053	1	0	0	0	14.99571	21.05033	26.14028	27.21581
O43813	LANC1_HUMAN	LANCL1	LanC-like protein 1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	33.11414	1	0	0	0	35.35733	34.8319	26.69985	35.56748
Q9UKM7	MA1B1_HUMAN	MAN1B1	Endoplasmic reticulum mannosyl-oligosaccharide 1,2-alpha-mannosidase	1	only in SIHa	2.86E-02	0	9.248796	1	0	0	0	10.20624	12.71826	7.068666	7.002025
Q14244	MAP7_HUMAN	MAP7	Enscosin	1	only in SIHa	2.86E-02	0	6.206927	1	0	0	0	6.056775	5.044936	5.793628	7.93237
P47224	MSS4_HUMAN	RABIF	Guanine nucleotide exchange factor MSS4	1	only in SIHa	2.86E-02	0	41.1863	1	0	0	0	38.67181	45.37368	49.7025	30.99721
O60936	NOL3_HUMAN	NOL3	Nucleolar protein 3	1	only in SIHa	2.86E-02	0	31.68726	1	0	0	0	36.63735	31.88286	35.86627	22.36258
Q9Y639	NPTN_HUMAN	NPTN	Neuroplastin	1	only in SIHa	2.86E-02	0	37.84184	1	0	0	0	39.22281	42.22527	37.66158	32.25768
P53384	NUBP1_HUMAN	NUBP1	Cytosolic Fe-S cluster assembly factor [NUBP1]	1	only in SIHa	2.86E-02	0	35.03581	1	0	0	0	37.32398	35.37187	38.49096	28.95645
Q8N543	OGFD1_HUMAN	OGFOD1	Proyl 3-hydroxylase OGFOD1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	9.56051	1	0	0	0	9.765438	9.187714	8.613501	10.67539
Q8NB37	PDDC1_HUMAN	PDDC1	Parkinson disease 7 domain-containing protein 1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	34.20086	1	0	0	0	40.60455	23.44279	41.39876	31.35734
P50479	PDLIM4_HUMAN	PDLIM4	PDZ and LIM domain protein 4	1	only in SIHa	2.86E-02	0	10.62582	1	0	0	0	8.875359	15.28517	10.96173	7.381023
Q13951	PEBB_HUMAN	C8FB	Core-binding factor subunit beta	1	only in SIHa	2.86E-02	0	77.5725	1	0	0	0	79.64935	76.95749	93.54941	60.13373
O15305	PMM2_HUMAN	PMM2	Phosphomannomutase 2	1	only in SIHa	2.86E-02	0	33.96389	1	0	0	0	36.15416	29.69808	36.62237	33.38095
P11117	PPAL_HUMAN	ACP2	Lysosomal acid phosphatase	1	only in SIHa	2.86E-02	0	14.40118	1	0	0	0	14.58034	17.73578	13.36991	11.91871
O43172	PRP4_HUMAN	PRPF4	U4/U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp4	1	only in SIHa	2.86E-02	0	23.67227	1	0	0	0	25.49017	22.13026	24.31166	22.75701

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P60891	PRPS1_HUMAN	PRPS1	Ribose-phosphate pyrophosphokinase 1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	37.1669	1	0	0	0	39.86706	39.72482	34.1942	34.88151
Q6GMV3	PTRD1_HUMAN	PTRHD1	Putative peptidyl-IRNA hydrolase PTRHD1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	43.89927	1	0	0	0	41.359	42.23358	55.5281	36.47639
PS1151	RAB9A_HUMAN	RAB9A	Ras-related protein Rab-9A	1	only in SIHa	2.86E-02	0	35.03746	1	0	0	0	42.11345	25.84356	45.40574	26.78708
Q13123	RED_HUMAN	IK	Protein Red	1	only in SIHa	2.86E-02	0	21.1138	1	0	0	0	20.82785	19.18122	24.44156	20.00456
Q9UNX3	RL24L_HUMAN	RPL24L1	60S ribosomal protein L24-like 1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	32.75521	1	0	0	0	38.86678	31.48412	30.18722	30.48273
O60518	RNBP6_HUMAN	RANBP6	Ran-binding protein 6	1	only in SIHa	2.86E-02	0	3.105349	1	0	0	0	2.412538	3.116014	3.511017	3.381826
P19387	RPB3_HUMAN	POLR2C	DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB3	1	only in SIHa	2.86E-02	0	24.48353	1	0	0	0	28.3808	16.07435	31.23643	22.24253
Q96A19	RPE_HUMAN	RPE	Ribulose-phosphate 3-epimerase	1	only in SIHa	2.86E-02	0	24.45371	1	0	0	0	29.52519	23.06897	25.73058	19.49009
Q9Y220	SGT1_HUMAN	SUGT1	Protein SGT1 homolog	1	only in SIHa	2.86E-02	0	52.64242	1	0	0	0	51.03119	45.20754	71.10635	43.2246
Q9UJH6	SHPK_HUMAN	SHPK	Sedoheptulokinase	1	only in SIHa	2.86E-02	0	14.58526	1	0	0	0	13.61397	14.1637	13.43986	17.12349
Q9Y589	SP16H_HUMAN	SUPT16H	FACT complex subunit SPT16	1	only in SIHa	2.86E-02	0	24.60601	1	0	0	0	18.99683	31.3512	23.1925	24.88351
Q96R06	SPAG5_HUMAN	SPAG5	Sperm-associated antigen 5	1	only in SIHa	2.86E-02	0	5.508777	1	0	0	0	6.50012	3.622751	5.616762	6.295478
P50453	SPB9_HUMAN	SERPINB9	Serpin B9	1	only in SIHa	2.86E-02	0	41.23235	1	0	0	0	47.20809	53.24056	32.02583	32.45489
Q13247	SRSF6_HUMAN	SRSF6	Serine/arginine-rich splicing factor 6	1	only in SIHa	2.86E-02	0	48.70895	1	0	0	0	55.55788	33.95965	41.30883	64.00945
Q9NYB0	TE2IP_HUMAN	TERF2IP	Telomeric repeat-binding factor 2-interacting protein 1	1	only in SIHa	2.86E-02	0	58.7509	1	0	0	0	64.58583	44.80049	72.99492	52.62237
Q16890	TPD53_HUMAN	TPD52L1	Tumor protein D53	1	only in SIHa	2.86E-02	0	76.64431	1	0	0	0	86.04097	58.78974	91.94063	69.80589
Q16763	UBE2S_HUMAN	UBE2S	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 S	1	only in SIHa	2.86E-02	0	30.57186	1	0	0	0	28.27908	21.62353	37.33183	35.053
Q9H4G0	E41L1_HUMAN	EPB41L1	Band 4.1-like protein 1	2	only in SIHa	1.14E-01	0	19.43711	1	0	0	0	0	35.754	23.08858	18.90587
P60520	GBRL2_HUMAN	GABARAPL2	Gamma-aminobutyric acid receptor-associated protein-like 2	2	only in SIHa	1.14E-01	0	39.04325	1	0	0	0	0	42.45787	59.57505	54.14008
Q8IVT2	MISP_HUMAN	MISP	Mitotic interactor and substrate of PLK1	2	only in SIHa	1.14E-01	0	33.65417	1	0	0	0	0	28.06988	58.24605	48.30077
P43246	MSH2_HUMAN	MSH2	DNA mismatch repair protein Msh2	2	only in SIHa	1.14E-01	0	31.61472	1	0	0	0	46.52994	29.40733	0	50.52159
O95340	PAPS2_HUMAN	PAPSS2	Bifunctional 3-phosphoadenosine 5-phosphosulfate synthase 2	2	only in SIHa	1.14E-01	0	19.96106	1	0	0	0	0	21.5039	27.49059	30.84973
P30488	1B50_HUMAN	HLA-B	HLA class I histocompatibility antigen, B-50 alpha chain	1	only in SIHa	1.14E-01	0	34.6504	1	0	0	0	44.02924	58.49899	0	36.07338
P30490	1B52_HUMAN	HLA-B	HLA class I histocompatibility antigen, B-52 alpha chain	1	only in SIHa	1.14E-01	0	16.6205	1	0	0	0	23.17596	21.97243	0	21.33363
Q15067	ACOX1_HUMAN	ACOX1	Peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 1	1	only in SIHa	1.14E-01	0	9.689913	1	0	0	0	13.81742	0	10.88845	14.05378
P22570	ADRO_HUMAN	FDXR	NADPH:adenodoxin oxidoreductase, mitochondrial	1	only in SIHa	1.14E-01	0	10.55379	1	0	0	0	13.91914	12.91763	15.3784	0
O60218	AK1B1_HUMAN	AKR1B10	Aldo-keto reductase family 1 member B10	1	only in SIHa	1.14E-01	0	4.997376	1	0	0	0	8.448121	0	5.61976	5.921625
O43423	AN32C_HUMAN	ANP32C	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member C	1	only in SIHa	1.14E-01	0	50.15545	1	0	0	0	63.31428	66.9806	70.32693	0
Q51C12	ATPF1_HUMAN	ATPAF1	ATP synthase mitochondrial F1 complex assembly factor 1	1	only in SIHa	1.14E-01	0	48.08584	1	0	0	0	92.65298	0	47.75397	51.9364
Q9BXK5	B2L13_HUMAN	BCL2L13	Bcl-2-like protein 13	1	only in SIHa	1.14E-01	0	20.11698	1	0	0	0	28.83008	25.51958	0	26.11826
Q9UL15	BAG5_HUMAN	BAG5	BAG family molecular chaperone regulator 5	1	only in SIHa	1.14E-01	0	4.378759	1	0	0	0	5.381163	6.606681	0	5.527193
P46379	BAG6_HUMAN	BAG6	Large proline-rich protein BAG6	1	only in SIHa	1.14E-01	0	14.34333	1	0	0	0	20.04797	18.90709	0	18.41826
Q14137	BOP1_HUMAN	BOP1	Ribosome biogenesis protein BOP1	1	only in SIHa	1.14E-01	0	1.266839	1	0	0	0	1.16897	1.240258	0	2.658129

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P14384	CBPM_HUMAN	CPM	Carboxypeptidase M	1	only in SIHa	1.14E-01	0	17.93613	1	0	0	0	31.46641	20.10332	20.17478	0
Q16204	CCDC6_HUMAN	CCDC6	Coiled-coil domain-containing protein 6	1	only in SIHa	1.14E-01	0	18.75703	1	0	0	0	21.10759	0	27.45928	26.46124
Q6P1J9	CDC73_HUMAN	CDC73	Parafibromin	1	only in SIHa	1.14E-01	0	20.24433	1	0	0	0	33.08551	23.8	24.09182	0
A6NDU8	CE051_HUMAN	C5orf51	UPF0600 protein C5orf51	1	only in SIHa	1.14E-01	0	21.57809	1	0	0	0	29.62691	27.20593	0	29.4795
Q9UJ50	CMC2_HUMAN	SLC25A13	Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aralar2	1	only in SIHa	1.14E-01	0	13.30811	1	0	0	0	8.23535	25.91002	0	19.08708
O75629	CREG1_HUMAN	CREG1	Protein CREG1	1	only in SIHa	1.14E-01	0	32.30499	1	0	0	0	54.76105	31.69734	0	42.76157
Q5TAQ9	DCAF8_HUMAN	DCAF8	DDB1- and CUL4-associated factor 8	1	only in SIHa	1.14E-01	0	19.3615	1	0	0	0	0	30.72817	17.30694	29.41091
Q9GZ87	DDX24_HUMAN	DDX24	ATP-dependent RNA helicase DDX24	1	only in SIHa	1.14E-01	0	6.683543	1	0	0	0	14.77531	9.11295	0	2.845913
Q3LXA3	DHAK_HUMAN	DAK	Bifunctional ATP-dependent dihydroxyacetone kinase/FAD-AMP lyase (cycling)	1	only in SIHa	1.14E-01	0	19.14089	1	0	0	0	29.22002	0	22.62293	24.7206
Q15054	DPOD3_HUMAN	POLD3	DNA polymerase delta subunit 3	1	only in SIHa	1.14E-01	0	6.593705	1	0	0	0	6.688867	0	10.02244	9.483517
Q8N857	ENAH_HUMAN	ENAH	Protein enabled homolog	1	only in SIHa	1.14E-01	0	12.24935	1	0	0	0	14.88551	0	17.17704	16.93485
Q9P282	FPRP_HUMAN	PTGFRN	Prostaglandin F2 receptor negative regulator	1	only in SIHa	1.14E-01	0	3.044284	1	0	0	0	3.072044	4.117857	4.987237	0
P46976	GLYG_HUMAN	GYG1	Glycogenin-1	1	only in SIHa	1.14E-01	0	20.42939	1	0	0	0	20.80242	24.57257	36.34258	0
Q96SL4	GPX7_HUMAN	GPX7	Glutathione peroxidase 7	1	only in SIHa	1.14E-01	0	19.45761	1	0	0	0	29.95751	23.14374	0	24.72917
Q92769	HDAC2_HUMAN	HDAC2	Histone deacetylase 2	1	only in SIHa	1.14E-01	0	32.13418	1	0	0	0	31.41555	0	50.01226	47.1089
Q96F22	HMCES_HUMAN	HMCES	Embryonic stem cell-specific 5-hydroxymethylcytosine-binding protein	1	only in SIHa	1.14E-01	0	10.3903	1	0	0	0	13.61397	0	14.21927	13.72795
P37235	HPCL1_HUMAN	HPCAL1	Hippocalcin-like protein 1	1	only in SIHa	1.14E-01	0	19.26247	1	0	0	0	28.9318	25.29529	22.82278	0
Q7Z5L9	I2BP2_HUMAN	IRF2BP2	Interferon regulatory factor 2-binding protein 2	1	only in SIHa	1.14E-01	0	10.84958	1	0	0	0	13.01211	11.48049	18.90573	0
P14735	IDE_HUMAN	IDE	Insulin-degrading enzyme	1	only in SIHa	1.14E-01	0	17.87399	1	0	0	0	22.76907	18.72433	0	30.00256
Q9H2U2	IPYR2_HUMAN	PPA2	Inorganic pyrophosphatase 2, mitochondrial	1	only in SIHa	2.86E-02	0	42.51687	1	0	0	0	11.40149	13.88126	82.86747	61.91725
P53990	IST1_HUMAN	IST1	IST1 homolog	1	only in SIHa	1.14E-01	0	12.21332	1	0	0	0	14.86856	18.79909	0	15.18563
P19013	K2C4_HUMAN	KRT4	Keratin, type II cytoskeletal 4	1	only in SIHa	1.14E-01	0	12.95564	1	0	0	0	8.790589	0	25.11105	17.92093
Q774H8	KDEL2_HUMAN	KDEL2	KDEL motif-containing protein 2	1	only in SIHa	1.14E-01	0	23.29603	1	0	0	0	32.70404	37.98032	0	22.49977
Q98ZL6	KPCD2_HUMAN	PRKD2	Serine/threonine-protein kinase D2	1	only in SIHa	1.14E-01	0	4.822827	1	0	0	0	4.728439	4.300614	10.26226	0
O95232	LC7L3_HUMAN	LUC7L3	Luc7-like protein 3	1	only in SIHa	1.14E-01	0	14.06555	1	0	0	0	14.61425	0	24.42157	17.22639
Q8ND56	LS14A_HUMAN	LSM14A	Protein LSM14 homolog A	1	only in SIHa	1.14E-01	0	14.4845	1	0	0	0	14.75836	0	23.43232	19.74732
Q9UJL4	MCTS1_HUMAN	MCTS1	Malignant T-cell-amplified sequence 1	1	only in SIHa	1.14E-01	0	22.65124	1	0	0	0	0	30.33773	32.48549	27.78173
O75586	MED6_HUMAN	MED6	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 6	1	only in SIHa	1.14E-01	0	3.867682	1	0	0	0	4.739459	5.055735	0	5.675533
Q9NQ76	MEPE_HUMAN	MEPE	Matrix extracellular phosphoglycoprotein	1	only in SIHa	1.14E-01	0	20.61351	1	0	0	0	34.35705	0	23.17918	24.91781
Q8N4Q1	MIA40_HUMAN	CHCHD4	Mitochondrial intermembrane space import and assembly protein 40	1	only in SIHa	1.14E-01	0	5.55886	1	0	0	0	7.023995	5.039121	10.17232	0
O75439	MPPB_HUMAN	PMPCB	Mitochondrial-processing peptidase subunit beta	1	only in SIHa	1.14E-01	0	16.51072	1	0	0	0	31.16124	0	17.64668	17.23496
P15941	MUC1_HUMAN	MUC1	Mucin-1	1	only in SIHa	1.14E-01	0	43.28691	1	0	0	0	46.75034	0	69.42761	56.9697
O00159	MYO1C_HUMAN	MYO1C	Unconventional myosin-Ic	1	only in SIHa	1.14E-01	0	1.828886	1	0	0	0	1.251197	2.384984	0	3.679365

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q09161	NCBP1_HUMAN	NCBP1	Nuclear cap-binding protein subunit 1	1	only in SIHA	1.14E-01	0	11.31187	1	0	0	0	0	10.30918	16.8373	18.101
P25208	NFYB_HUMAN	NFYB	Nuclear transcription factor Y subunit beta	1	only in SIHA	1.14E-01	0	21.75814	1	0	0	0	25.16804	0	35.40329	26.46124
O75607	NPM3_HUMAN	NPM3	Nucleoplasmin-3	1	only in SIHA	2.86E-02	0	25.42733	1	0	0	0	11.17261	11.51372	47.49416	31.52884
Q8TCD5	NTSC_HUMAN	NTSC	5(3)-deoxyribonucleotidase, cytosolic type	1	only in SIHA	1.14E-01	0	10.82065	1	0	0	0	13.80046	16.69738	0	12.78474
Q14249	NUCG_HUMAN	ENDOG	Endonuclease G, mitochondrial	1	only in SIHA	1.14E-01	0	19.57107	1	0	0	0	22.95556	0	37.14197	18.18675
Q8WVJ2	NUDC2_HUMAN	NUDC2	NudC domain-containing protein 2	1	only in SIHA	1.14E-01	0	28.01406	1	0	0	0	34.47573	0	44.15668	33.42382
Q8NFH4	NUP37_HUMAN	NUP37	Nucleoporin Nup37	1	only in SIHA	1.14E-01	0	20.1873	1	0	0	0	28.7877	24.78855	0	27.17293
Q99567	NUP88_HUMAN	NUP88	Nuclear pore complex protein Nup88	1	only in SIHA	2.86E-02	0	13.20816	1	0	0	0	3.645085	6.531086	21.01414	21.64231
O15294	OGT1_HUMAN	OGT	UDP-N-acetylglucosamine-peptide N-acetylglucosaminyltransferase 110 kDa subunit	1	only in SIHA	1.14E-01	0	4.6886	1	0	0	0	7.229984	3.218192	0	8.306223
Q13438	OS9_HUMAN	OS9	Protein OS-9	1	only in SIHA	1.14E-01	0	2.059874	1	0	0	0	0	1.282625	3.930035	3.026837
Q8WX09	P66B_HUMAN	GATAD2B	Transcriptional repressor p66-beta	1	only in SIHA	2.86E-02	0	30.3203	1	0	0	0	9.23139	18.99846	52.33051	40.72082
Q9H814	PHAX_HUMAN	PHAX	Phosphorylated adapter RNA export protein	1	only in SIHA	1.14E-01	0	13.52983	1	0	0	0	20.98891	17.21243	15.91799	0
P61457	PHS_HUMAN	PCBD1	Pterin-4-alpha-carbinolamine dehydratase	1	only in SIHA	1.14E-01	0	23.00311	1	0	0	0	29.71168	0	35.09352	27.20723
Q00169	PIPNA_HUMAN	PIPNA	Phosphatidylinositol transfer protein alpha isoform	1	only in SIHA	1.14E-01	0	3.785261	1	0	0	0	3.782412	3.706653	0	7.651981
O00592	PODXL_HUMAN	PODXL	Podocalyxin	1	only in SIHA	1.14E-01	0	19.0189	1	0	0	0	31.31383	0	24.61143	20.15033
POCG39	POTEJ_HUMAN	POTEJ	POTE ankyrin domain family member J	1	only in SIHA	1.14E-01	0	29.45355	1	0	0	0	0	27.60883	33.20994	56.99542
Q9H2H8	PPIL3_HUMAN	PPIL3	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase-like 3	1	only in SIHA	1.14E-01	0	19.42586	1	0	0	0	24.60009	22.34625	0	30.75712
Q96PU8	QKI_HUMAN	QKI	Protein quaking	1	only in SIHA	1.14E-01	0	9.752507	1	0	0	0	12.68151	15.27686	11.05166	0
Q9NFP0	RAB9B_HUMAN	RAB9B	Ras-related protein Rab-9B	1	only in SIHA	1.14E-01	0	19.5784	1	0	0	0	27.23642	0	28.20872	22.86848
Q98TD8	RBM42_HUMAN	RBM42	RNA-binding protein 42	1	only in SIHA	1.14E-01	0	12.11616	1	0	0	0	18.30172	15.26024	0	14.90267
Q9UKL0	RCOR1_HUMAN	RCOR1	REST corepressor 1	1	only in SIHA	1.14E-01	0	15.83829	1	0	0	0	21.95528	0	20.60445	20.79343
Q92785	REQU_HUMAN	DPF2	Zinc finger protein ubi-d4	1	only in SIHA	1.14E-01	0	14.94675	1	0	0	0	17.26753	0	3.702206	38.81725
Q9NFK5	RM39_HUMAN	MRLP39	39S ribosomal protein L39, mitochondrial	1	only in SIHA	1.14E-01	0	28.92772	1	0	0	0	42.91028	31.09368	0	41.7069
P62841	RS15_HUMAN	RPS15	40S ribosomal protein S15	1	only in SIHA	1.14E-01	0	4.289125	1	0	0	0	0	3.931777	7.397418	5.827304
Q92541	RTF1_HUMAN	RTF1	RNA polymerase-associated protein RTF1 homolog	1	only in SIHA	1.14E-01	0	33.43643	1	0	0	0	47.38611	46.99358	0	39.36603
Q99BYC2	SCOT2_HUMAN	OXC12	Succinyl-CoA:3-ketoacid coenzyme A transferase 2, mitochondrial	1	only in SIHA	1.14E-01	0	42.40796	1	0	0	0	64.65364	37.93878	67.03942	0
Q14160	SCRIB_HUMAN	SCRIB	Protein scribble homolog	1	only in SIHA	1.14E-01	0	3.795123	1	0	0	0	6.061014	4.06303	0	5.056447
Q95754	SEMA4F_HUMAN	SEMA4F	Semaphorin-4F	1	only in SIHA	1.14E-01	0	34.72068	1	0	0	0	48.37791	34.16733	56.33749	0
Q14141	SEPT6_HUMAN	SEPT6	Septin-6	1	only in SIHA	1.14E-01	0	31.311	1	0	0	0	40.48588	0	44.82618	39.93195
Q9NWH9	SLTM_HUMAN	SLTM	SAFB-like transcription modulator	1	only in SIHA	1.14E-01	0	8.788362	1	0	0	0	8.31249	0	13.07014	13.77082
Q9Y5K3	SNX5_HUMAN	SNX5	Sorling nexin-5	1	only in SIHA	1.14E-01	0	20.35728	1	0	0	0	29.84731	0	24.27169	27.31013
P51688	SPHM_HUMAN	SGSH	N-sulphoglucosamine sulphohydrolase	1	only in SIHA	1.14E-01	0	3.317814	1	0	0	0	4.950534	4.023986	0	4.296736
Q9LIQ35	SRRM2_HUMAN	SRRM2	Serine/arginine repetitive matrix protein 2	1	only in SIHA	1.14E-01	0	31.20889	1	0	0	0	0	15.31839	86.85446	22.66269

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q16563	SYPL1_HUMAN	SYPL1	Synaptophysin-like protein 1	1	only in SiHa	1.14E-01	0	53.81343	1	0	0	0	82.0568	0	69.48757	63.70934
Q99426	TBCB_HUMAN	TBCB	Tubulin-folding cofactor B	1	only in SiHa	1.14E-01	0	20.78894	1	0	0	0	0	15.02764	36.82222	31.3059
Q04726	TLE3_HUMAN	TLE3	Transducin-like enhancer protein 3	1	only in SiHa	6.86E-01	0	0.445546	1	0	0	0	0.459789	0	0.641916	0.680481
Q03169	TNAP2_HUMAN	TNFAIP2	Tumor necrosis factor alpha-induced protein 2	1	only in SiHa	1.14E-01	0	23.56351	1	0	0	0	29.82188	42.26681	0	22.16536
Q8NFG8	TOIP2_HUMAN	TOR1AIP2	Torsin-1A-interacting protein 2	1	only in SiHa	1.14E-01	0	4.673028	1	0	0	0	4.657232	4.602995	9.431883	0
O14656	TOR1A_HUMAN	TOR1A	Torsin-1A	1	only in SiHa	1.14E-01	0	16.58492	1	0	0	0	15.78831	0	18.61096	31.94042
Q9UBQ0	VPS29_HUMAN	VPS29	Vacuolar protein sorting-associated protein 29	1	only in SiHa	1.14E-01	0	18.44438	1	0	0	0	0	9.744293	33.46475	30.56848
O00401	WASL_HUMAN	WASL	Neural Wiskott-Aldrich syndrome protein	1	only in SiHa	1.14E-01	0	3.92566	1	0	0	0	3.922705	3.844136	0	7.9358
Q9NIW82	WDR70_HUMAN	WDR70	WD repeat-containing protein 70	1	only in SiHa	1.14E-01	0	9.837474	1	0	0	0	14.8516	13.16684	11.33145	0
P18887	XRCC1_HUMAN	XRCC1	DNA repair protein XRCC1	1	only in SiHa	1.14E-01	0	9.753727	1	0	0	0	11.57103	0	14.47907	12.96481
P16989	YBOX3_HUMAN	YBX3	Y-box-binding protein 3	1	only in SiHa	1.14E-01	0	22.6179	1	0	0	0	0	12.52719	44.60634	33.33808

Πίνακας III. Διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές C33A και HCK1T όπως προκύπτουν από την πρωτεωμική μελέτη με τη μέθοδο GeLC-MS/MS

UniprotID	UniprotAccession	Symbol	Name	#PEPTIDES	Ratio	p-value Mann-Whitney	Mean Control	Mean Case	HCK1T_1	HCK1T_2	HCK1T_3	HCK1T_4	C33A_1	C33A_2	C33A_3	C33A_4
P13647	K2C5_HUMAN	KRT5	Keratin, type II cytoskeletal 5	20	0.000	2.86E-02	15535.59	1.894972	10290.63	20133.56	18776.6	12941.55	0	7.579889	0	0
P48668	K2C6C_HUMAN	KRT6C	Keratin, type II cytoskeletal 6C	17	0.001	2.86E-02	26950.43	15.08972	23590.93	26226.84	26766.96	31216.98	11.04816	23.14205	9.936349	16.23233
Q15149	PLEC_HUMAN	PLEC	Plectin	37	0.001	2.86E-02	3386.187	2.818227	2904.08	1245.017	1344.924	8050.729	0	0	11.27291	0
Q96C19	EFHD2_HUMAN	EFHD2	EF-hand domain-containing protein D2	3	0.001	2.86E-02	100.5065	0.128023	159.3791	121.203	10.17124	111.2726	0	0	0.512092	0
O95678	K2C75_HUMAN	KRT75	Keratin, type II cytoskeletal 75	10	0.002	2.86E-02	18834.53	41.5264	15239.14	20624.73	22186.54	17287.7	0	84.46105	81.64456	0
P02533	K1C14_HUMAN	KRT14	Keratin, type I cytoskeletal 14	13	0.005	2.86E-02	12281.89	57.56811	8476.698	15380.54	14269.42	11000.89	36.10851	77.21615	10.72148	106.2263
Q9H299	SH3L3_HUMAN	SH3BGL3	SH3 domain-binding glutamic acid-rich-like protein 3	2	0.005	2.86E-02	156.5855	0.788298	181.8465	107.7111	120.5972	216.1872	0	0	2.210284	0.942908
Q16822	PCKGM_HUMAN	PCK2	Phosphoenolpyruvate carboxylkinase [GTP], mitochondrial	7	0.009	2.86E-02	553.864	5.13429	244.3414	834.602	869.2286	267.284	0	0	20.53716	0
Q86Y46	K2C73_HUMAN	KRT73	Keratin, type II cytoskeletal 73	5	0.009	2.86E-02	1516.445	14.18428	1367.723	1541.373	1429.425	1727.26	29.65028	15.86742	0	11.21941
P52943	CRIP2_HUMAN	CRIP2	Cysteine-rich protein 2	2	0.011	2.86E-02	278.1241	3.05117	135.4022	411.1323	337.0551	228.907	0	0	12.20468	0
Q99653	CHP1_HUMAN	CHP1	Calcineurin B homologous protein 1	2	0.012	2.86E-02	25.07187	0.293746	28.6028	23.52609	29.6146	18.54396	0.392543	0.148169	0.107765	0.526506
P68366	TBA4A_HUMAN	TUBA4A	Tubulin alpha-4A chain	3	0.014	2.86E-02	686.873	9.430168	540.6421	650.4138	776.7385	779.6977	30.71066	7.01001	0	0
P08779	K1C16_HUMAN	KRT16	Keratin, type I cytoskeletal 16	7	0.015	2.86E-02	549.2207	8.169196	343.029	273.4771	340.6737	1239.703	0	4.0397	0	28.63709
P60903	S10AA_HUMAN	S10A10	Protein S100-A10	2	0.015	2.86E-02	2720.705	41.56693	2841.271	2929.16	2815.64	2296.751	0	0	166.2677	0
P04792	HSPB1_HUMAN	HSPB1	Heat shock protein beta-1	12	0.015	2.86E-02	15937.11	243.6318	10499.83	22884.89	20490.69	9873.024	354.5578	295.6236	47.65782	276.6882
P07858	CATB_HUMAN	CTSB	Cathepsin B	2	0.016	2.86E-02	304.8286	4.845975	281.5979	360.3582	316.3337	261.0244	0	0	19.3839	0
Q2NL68	PKSR3_HUMAN	PROSER3	Proline and serine-rich protein 3	1	0.017	2.86E-02	88.92835	1.547399	127.5084	39.74623	98.27067	90.18809	6.189597	0	0	0
Q9Y624	JAM1_HUMAN	F11R	Junctional adhesion molecule A	2	0.019	2.86E-02	177.8461	3.383121	233.1076	170.8743	168.5098	138.8926	13.53248	0	0	0
P02545	LMNA_HUMAN	LMNA	Prelamin-A/C	21	0.020	2.86E-02	6186.323	126.6568	5811.556	6485.338	6911.5	5536.898	104.3276	65.73433	270.4871	66.07812
P35579	MYH9_HUMAN	MYH9	Myosin-9	37	0.025	2.86E-02	4304.348	109.0193	3635.085	2569.559	4118.402	6894.347	9.069794	181.9154	218.2178	26.87436
Q9H3U1	UNC45A_HUMAN	UNC45A	Protein unc-45 homolog A	2	0.026	2.86E-02	31.75779	0.840504	33.48405	11.14388	55.67189	26.73134	0	0	3.362015	0
P10301	RRAS_HUMAN	RRAS	Ras-related protein R-Ras	2	0.027	2.86E-02	122.2434	3.354759	142.4985	106.8094	102.9308	136.7351	0	0	13.41904	0
Q9P2E9	RRBP1_HUMAN	RRBP1	Ribosome-binding protein 1	5	0.029	2.86E-02	148.1911	4.278893	260.101	79.63491	101.1983	151.8301	0	0	17.11557	0
P16298	PP2BB_HUMAN	PPP3CB	Serine/threonine-protein phosphatase 2B catalytic subunit beta isoform	1	0.030	2.86E-02	15.99243	0.477172	30.11712	7.930867	5.543178	20.37855	1.908686	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q16658	FSCN1_HUMAN	FSCN1	Fascin	9	0.030	2.86E-02	2967.22	89.99032	3104.987	2591.558	2498.254	3674.082	41.63663	3.81274	309.3557	5.156152
P19367	HXK1_HUMAN	HK1	Hexokinase-1	2	0.035	2.86E-02	57.24683	2.001017	35.4736	46.87988	67.52643	79.10721	0	0	8.004069	0
Q9C005	DPY30_HUMAN	DPY30	Protein dpy-30 homolog	1	0.037	2.86E-02	6.425876	0.236031	8.578424	5.821789	4.642289	6.661003	0	0	0.240224	0.703898
Q96TA1	NIBL1_HUMAN	FAM129B	Niban-like protein 1	5	0.038	2.86E-02	295.0519	11.16515	236.7323	298.6711	322.5413	322.2428	15.28969	10.63444	9.195515	9.540971
P04083	ANXA1_HUMAN	ANXA1	Annexin A1	15	0.041	2.86E-02	7358.23	302.2488	8152.081	6482.725	6596.648	8201.465	45.5661	174.6011	158.0101	830.8179
P30484	IB46_HUMAN	HLA-B	HLA class I histocompatibility antigen, B-46 alpha chain	1	0.042	2.86E-02	177.4007	7.501464	174.4682	207.5744	203.8338	123.7243	23.94662	0	6.041239	0
P02794	FRIH_HUMAN	FTH1	Ferritin heavy chain	1	0.043	2.86E-02	160.7949	6.974826	89.00619	190.2305	192.0058	171.9371	0	27.8993	0	0
P17655	CAN2_HUMAN	CAPN2	Calpain-2 catalytic subunit	9	0.050	2.86E-02	349.0763	17.39184	400.1009	239.0173	366.5185	390.6683	18.454	37.03719	9.730138	4.346028
O15533	TPSN_HUMAN	TAPBP	Tarasin	1	0.050	2.86E-02	9.664152	0.485814	7.524043	8.201968	10.14723	12.78337	0	0	0	1.943255
Q13451	FKBP5_HUMAN	FKBP5	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP5	4	0.053	2.86E-02	166.4189	8.901237	169.3373	135.769	182.1965	178.3728	0	0	14.41191	21.19304
Q96HC4	PDI5_HUMAN	PDI5	PDZ and LIM domain protein 5	4	0.056	2.86E-02	241.6559	13.59956	220.3084	235.4332	225.6704	285.2116	6.590522	23.09448	14.06822	10.64501
P61940	UFM1_HUMAN	UFM1	Ubiquitin-fold modifier 1	1	0.057	2.86E-02	64.44497	3.653266	67.59637	61.82492	69.48315	58.87543	14.61306	0	0	0
P04439	IA03_HUMAN	HLA-A	HLA class I histocompatibility antigen, A-3 alpha chain	2	0.065	2.86E-02	86.2982	5.634544	93.46777	77.74639	93.77068	80.20796	0	0	22.53818	0
O75369	FLNB_HUMAN	FLNB	Filamin-B	44	0.069	2.86E-02	5398.069	372.8654	6221.033	4236.264	3963.794	7171.186	707.5975	558.4975	206.1506	19.21622
Q92882	OSTF1_HUMAN	OSTF1	Osteoclast-stimulating factor 1	2	0.070	2.86E-02	75.9286	5.302314	109.6911	100.9547	64.11161	28.95705	0	0	21.20926	0
Q9UK22	FBX2_HUMAN	FBXO2	F-box only protein 2	3	0.071	2.86E-02	206.9657	14.61621	128.5878	282.0834	310.3308	106.8608	0	0	58.46484	0
P13473	LAMP2_HUMAN	LAMP2	Lysosome-associated membrane glycoprotein 2	3	0.073	2.86E-02	156.8531	11.51398	94.80568	167.095	234.1777	131.3341	0	10.93177	23.5616	11.56255
P16615	AT2A2_HUMAN	ATP2A2	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2	4	0.075	2.86E-02	224.956	16.91035	232.7774	172.3447	275.3446	219.3574	34.04329	33.5981	0	0
Q5JTV8	TOIP1_HUMAN	TOR1AIP1	Torsin-1A-interacting protein 1	3	0.076	2.86E-02	124.084	9.386182	129.7396	148.52	179.3595	38.71703	0	0	0	37.54473
P08670	VIME_HUMAN	VIM	Vimentin	16	0.076	2.86E-02	6329.967	479.0833	7263.286	4701.843	4845.588	8509.153	532.2003	297.6157	222.869	863.6481
O60641	AP180_HUMAN	SNAP91	Claflathrin coat assembly protein AP180	1	0.077	2.86E-02	21.84992	1.671908	14.3457	25.92695	34.12349	13.00352	0	0	0	6.687631
P35221	CTNA1_HUMAN	CTNNA1	Catenin alpha-1	8	0.077	2.86E-02	286.3039	21.96567	290.7369	274.8234	354.7794	224.8758	27.74159	17.10629	26.05141	16.96338
P35609	ACTN2_HUMAN	ACTN2	Alpha-actinin-2	3	0.079	2.86E-02	735.8744	57.8706	839.3887	721.3941	705.8858	676.8289	78.15515	0	54.18022	99.14702
P04179	SODM_HUMAN	SOD2	Superoxide dismutase [Mn], mitochondrial	5	0.081	2.86E-02	515.0659	41.82741	259.836	616.5089	584.9385	598.9803	38.57768	37.89647	53.52798	37.30751
P04632	CPNS1_HUMAN	CAPNS1	Calpain small subunit 1	3	0.084	2.86E-02	647.6294	54.41387	803.9554	684.5312	601.63	500.4008	45.66709	75.62049	35.0789	61.28899
Q07960	RHG01_HUMAN	ARHGAP1	Rho GTPase-activating protein 1	4	0.086	2.86E-02	142.9821	12.23014	115.9307	157.7788	160.2657	137.9533	18.48093	10.06575	11.58604	8.787838
P23229	ITGA6_HUMAN	ITGA6	Integrin alpha-6	3	0.088	2.86E-02	115.3226	10.14427	39.24327	154.8035	177.0384	90.20521	26.24696	0	0	14.33011
P06396	GELS_HUMAN	GSN	Gelsolin	12	0.088	2.86E-02	1213.179	106.9107	970.699	1480.134	1519.616	882.268	35.21395	20.26266	340.0169	32.14912
Q9H4M9	EHD1_HUMAN	EHD1	EH domain-containing protein 1	4	0.092	2.86E-02	129.9344	12.00744	153.7914	68.11999	97.66593	200.1603	6.709015	19.75251	21.56822	0
Q9UHB6	LIMA1_HUMAN	LIMA1	LIM domain and actin-binding protein 1	6	0.092	2.86E-02	550.2716	50.87586	787.298	429.8681	361.307	622.6134	39.68856	38.11749	81.65525	44.04214
Q15075	EEA1_HUMAN	EEA1	Early endosome antigen 1	1	0.094	2.86E-02	21.92141	2.056025	24.45455	25.03094	24.1986	14.00154	0	8.2241	0	0
P42224	STAT1_HUMAN	STAT1	Signal transducer and activator of transcription 1- alpha/beta	10	0.098	2.86E-02	618.7272	60.69778	630.4135	624.6247	593.5074	626.3632	72.93403	77.14678	66.0493	26.66101
Q9UHD8	SEPT9_HUMAN	SEPT9	Septin-9	3	0.102	2.86E-02	214.7092	21.80412	267.2763	129.7496	267.0294	194.7813	32.94251	26.51177	27.76221	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P04899	GNAI2_HUMAN	GNAI2	Guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha-2	4	0.102	2.86E-02	218.7745	22.37842	192.9192	233.6182	278.9642	169.5962	46.86885	26.69017	15.95468	0
P30480	1B42_HUMAN	HLA-B	HLA class I histocompatibility antigen, B-42 alpha chain	1	0.103	2.86E-02	166.0145	17.08537	172.7767	199.8799	185.069	106.3324	41.83961	26.50186	0	0
P13797	PLST_HUMAN	PLS3	Plastin-3	15	0.103	2.86E-02	1332.347	137.1695	1773.76	1149.67	1168.605	1237.351	206.8955	99.15898	134.45	108.1733
P16190	1A33_HUMAN	HLA-A	HLA class I histocompatibility antigen, A-33 alpha chain	1	0.104	2.86E-02	86.77462	9.004871	81.51517	115.1033	103.9624	46.51768	16.89541	0	11.42566	7.698422
O00764	PDXK_HUMAN	PDXK	Pyridoxal kinase	3	0.104	2.86E-02	275.0031	28.56278	254.6463	262.7846	300.9217	281.6598	32.92231	27.25509	29.51882	24.55488
Q9Y678	COPG1_HUMAN	COPG1	Cootomer subunit gamma-1	8	0.105	2.86E-02	352.6244	36.90393	388.3006	298.6596	399.7776	323.7598	31.48827	55.75599	24.93634	35.43512
P26038	MOES_HUMAN	MSN	Moesin	7	0.106	2.86E-02	850.0227	90.51478	909.1519	573.6323	489.2012	1428.105	16.80351	56.69059	189.7835	98.7815
O43464	HTRA2_HUMAN	HTRA2	Serine protease HTRA2, mitochondrial	1	0.107	2.86E-02	16.93518	1.819627	13.67715	20.17179	21.13042	12.76136	0	0	7.27851	0
P26232	CTNA2_HUMAN	CTNNA2	Catenin alpha-2	1	0.108	2.86E-02	103.3696	11.21197	105.6797	113.2538	111.2549	83.29006	27.74159	17.10629	0	0
Q14116	IL18_HUMAN	IL18	Interleukin-18	1	0.109	2.86E-02	45.96456	4.992637	44.45476	52.39381	49.85569	37.15397	0	19.97055	0	0
P12814	ACTN1_HUMAN	ACTN1	Alpha-actinin-1	21	0.110	2.86E-02	3449.82	379.6455	4131.222	2825.796	3208.4	3633.862	363.7269	328.5677	408.5813	417.7059
P55263	ADK_HUMAN	ADK	Adenosine kinase	4	0.112	2.86E-02	160.6971	17.98311	179.3173	174.355	140.4782	148.6379	9.011557	37.5562	20.23166	5.133027
P20340	RAB6A_HUMAN	RAB6A	Ras-related protein Rab-6A	1	0.113	2.86E-02	28.23023	3.196292	25.68694	29.62588	24.90117	32.70694	12.78517	0	0	0
O60568	PLOD3_HUMAN	PLOD3	Procollagen-lysine,2-oxoglutarate 5-dioxygenase 3	6	0.114	2.86E-02	311.905	35.43659	296.8376	307.2177	359.395	284.1695	47.51922	28.04797	39.53308	26.64609
Q9UHA4	LTOR3_HUMAN	LAMTOR3	Regulator complex protein LAMTOR3	2	0.115	2.86E-02	75.89245	8.723901	40.60454	112.1739	88.88827	61.36312	0	0	34.8956	0
P24844	MYL9_HUMAN	MYL9	Myosin regulatory light polypeptide 9	3	0.119	2.86E-02	89.65631	10.6842	74.49133	91.11766	96.21633	96.79992	0	10.72364	17.19958	14.82245
P11279	LAMP1_HUMAN	LAMP1	Lysosome-associated membrane glycoprotein 1	1	0.126	2.86E-02	31.20119	3.93122	13.42745	39.82664	44.164	27.38665	0	0	8.48523	7.23965
Q9UL46	PSME2_HUMAN	PSME2	Proteasome activator complex subunit 2	5	0.127	2.86E-02	447.8296	56.91601	501.2377	496.6633	368.9464	424.4711	26.27726	26.07569	141.3619	33.94915
P09132	SRP19_HUMAN	SRP19	Signal recognition particle 19 kDa protein	1	0.130	2.86E-02	18.40626	2.390528	15.52977	17.77093	20.06323	20.26113	0	0	9.562113	0
P50995	ANX11_HUMAN	ANXA11	Annexin A11	7	0.130	2.86E-02	387.7621	50.3703	437.5399	361.6907	464.0599	287.758	63.52189	0	99.33294	38.62638
Q16881	TRXR1_HUMAN	TXNRD1	Thioredoxin reductase 1, cytoplasmic	4	0.136	2.86E-02	258.2833	35.05594	178.2862	271.4346	349.9948	233.4176	0	36.8588	55.26474	48.10022
Q96TC7	RMD3_HUMAN	RMDN3	Regulator of microtubule dynamics protein 3	1	0.148	2.86E-02	11.78174	1.746534	13.4355	11.1703	12.84189	9.679259	0	0.60318	3.768328	2.614629
P46940	IQGA1_HUMAN	IQGAP1	Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1	12	0.150	2.86E-02	443.8502	66.53822	336.9267	258.0404	447.0115	733.4222	28.17584	43.73996	158.4317	35.80537
P07384	CAN1_HUMAN	CAPN1	Calpain-1 catalytic subunit	6	0.150	2.86E-02	311.1782	46.70915	212.9543	249.5512	434.8989	347.3085	72.54018	50.35651	41.14305	22.79688
P35908	K22E_HUMAN	KRT2	Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal	12	0.152	2.86E-02	1709.932	260.6984	1375.153	1967.028	1544.885	1952.663	139.5932	364.8515	123.7738	414.5749
P07355	ANXA2_HUMAN	ANXA2	Annexin A2	5	0.156	2.86E-02	6547.785	1022.678	7333.949	4310.858	5563.187	8983.144	926.2531	902.0345	1610.819	651.6058
Q9UNF0	PACN2_HUMAN	PACSIN2	Protein kinase C and casein kinase substrate in neurons protein 2	2	0.156	2.86E-02	63.78181	9.96705	59.21932	90.81899	67.25983	37.8291	11.29054	0	11.51731	17.06036
P13645	K1C10_HUMAN	KRT10	Keratin, type I cytoskeletal 10	21	0.163	2.86E-02	4210.294	687.5919	3214.151	5291.946	3933.411	4401.667	748.5342	588.5108	454.8587	958.464
O95571	ETHE1_HUMAN	ETHE1	Persulfide dioxygenase ETHE1, mitochondrial	5	0.164	2.86E-02	538.068	88.08061	533.7955	602.3967	541.2091	474.8707	91.43516	62.93449	135.9775	61.97528
P53634	CATC_HUMAN	CTSC	Dipeptidyl peptidase 1	2	0.165	2.86E-02	138.7579	22.85088	143.6826	162.2473	141.9989	107.1029	21.11674	22.80508	24.70722	22.7745
P52815	RM12_HUMAN	MRPL12	39S ribosomal protein L12, mitochondrial	2	0.166	2.86E-02	53.84505	8.922351	54.90353	64.39349	48.71646	47.36672	35.6894	0	0	0
P62745	RHOB_HUMAN	RHOB	Rho-related GTP-binding protein RhoB	2	0.167	2.86E-02	186.3302	31.0915	217.6423	107.4412	140.9406	279.2969	37.60819	29.42559	32.23776	25.09447
P07602	SAP_HUMAN	PSAP	Frosaposin	3	0.167	2.86E-02	72.0325	12.02451	81.61988	56.47182	98.58194	51.45638	5.971461	7.675034	25.112	9.339558

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q12907	LMAN2_HUMAN	LMAN2	Vesicular integral-membrane protein VIP36	2	0.170	2.86E-02	56.66276	9.6481	74.37051	33.47414	67.77564	51.03075	19.6625	18.9299	0	0
Q29H92	RM44_HUMAN	MRPL44	39S ribosomal protein L44, mitochondrial	1	0.172	2.86E-02	22.67794	3.893201	17.326	31.21113	25.39919	16.77542	0	0	15.5728	0
P13796	PLSL_HUMAN	LCP1	Plastin-2	2	0.172	2.86E-02	200.458	34.47668	223.764	200.8219	209.8368	167.4093	38.59788	34.22248	28.22045	36.86589
Q99829	CPNE1_HUMAN	CPNE1	Copine-1	5	0.178	2.86E-02	426.8019	75.79763	481.2617	442.6582	427.1146	356.1732	73.76214	51.87387	112.6252	64.92933
P14324	FPPS_HUMAN	FDPS	Farnesyl pyrophosphate synthase	3	0.181	2.86E-02	357.2136	64.5132	443.42	317.1083	261.1954	407.1306	99.49406	81.56706	0	76.99168
Q15642	CIP4_HUMAN	TRIP10	Cdc42-interacting protein 4	1	0.181	2.86E-02	33.30754	6.018853	38.51833	26.75404	35.78653	32.17124	5.567506	0	9.63085	8.877056
P07339	CATD_HUMAN	CTSD	Cathepsin D	10	0.186	2.86E-02	1445.716	269.1037	751.1397	2460.832	2191.258	379.6339	198.3822	227.6246	359.4346	290.9735
Q06323	PSME1_HUMAN	PSME1	Proteasome activator complex subunit 1	5	0.188	2.86E-02	451.3405	84.72303	353.466	505.4664	554.2911	392.1384	42.10218	23.05285	151.8253	121.9118
P08195	4F2_HUMAN	SLC3A2	4F2 cell-surface antigen heavy chain	20	0.190	2.86E-02	4661.752	884.9136	4990.467	5101.346	5004.614	3550.58	1091.29	1036.675	633.2838	778.406
A6NMY6	AXA2L_HUMAN	ANXA2P2	Putative annexin A2-like protein	14	0.192	2.86E-02	17585.17	3370.015	19409.9	14820.14	16423.07	19687.59	3358.984	3653.614	4090.416	2377.045
P09525	ANXA4_HUMAN	ANXA4	Annexin A4	7	0.193	2.86E-02	302.8911	58.52054	276.33	287.5169	394.3544	253.3632	68.23806	55.14448	91.87877	18.82085
Q9Y490	TLN1_HUMAN	TLN1	Talin-1	22	0.194	2.86E-02	1279.905	248.6234	1733.862	1261.016	627.5166	1497.224	241.7174	250.7819	260.7509	241.2433
P60953	CDC42_HUMAN	CDC42	Cell division control protein 42 homolog	2	0.197	2.86E-02	324.0314	63.91657	385.0222	298.1427	313.0432	299.9176	56.84653	46.59134	47.03154	105.1968
Q15758	AAAT_HUMAN	SLC1A5	Neutral amino acid transporter B(0)	3	0.206	2.86E-02	235.7448	48.57828	307.4459	234.2041	233.0393	168.2899	77.53912	47.89562	10.7001	58.17829
P30043	BLVRB_HUMAN	BLVRB	Flavin reductase [NADPH]	1	0.214	2.86E-02	59.09107	12.65284	42.07053	68.2923	70.52366	55.47778	0	11.56607	23.12626	15.91902
Q9UJ7	KAD3_HUMAN	AK3	GTP:AMP phosphotransferase AK3, mitochondrial	3	0.220	2.86E-02	131.2297	28.81547	135.5955	96.33292	175.0463	117.9441	28.86257	0	75.6797	10.71961
P04264	K2C1_HUMAN	KRT1	Keratin, type II cytoskeletal 1	20	0.224	2.86E-02	7703.411	1721.825	4877.785	9447.952	7028.029	9459.878	1657.833	2350.618	607.7116	2271.137
Q13409	DC1I2_HUMAN	DYNC1I2	Cytoplasmic dynein 1 intermediate chain 2	1	0.226	2.86E-02	87.6975	19.82923	82.5623	87.86674	92.66791	87.69306	16.61264	17.35406	26.71587	18.63436
P19525	E2AK2_HUMAN	EIF2AK2	Interferon-induced, double-stranded RNA-activated protein kinase	5	0.227	2.86E-02	213.9598	48.47838	151.0286	214.4459	208.7785	281.5864	47.3031	42.34946	43.44193	60.81903
Q43707	ACTN4_HUMAN	ACTN4	Alpha-actinin-4	44	0.229	2.86E-02	10671.1	2442.276	11500.87	11078.83	10512.13	9592.579	2311.344	2360.838	2798.966	2297.954
Q94905	ERLN2_HUMAN	ERLN2	Erln-2	2	0.231	2.86E-02	75.36491	17.43861	69.65842	84.88003	93.2193	53.70191	5.053474	48.92438	10.6619	5.710409
P00387	NBSR3_HUMAN	CYB5R3	NADH-cytochrome b5 reductase 3	4	0.238	2.86E-02	244.5072	58.22209	355.5898	147.8307	240.6698	233.9387	65.26899	19.1975	114.6766	33.74525
Q9BX68	HINT2_HUMAN	HINT2	Histidine triad nucleotide-binding protein 2, mitochondrial	2	0.242	2.86E-02	98.97731	23.93695	68.36158	92.56507	136.5829	98.39968	21.24802	0	56.07431	18.42549
P35080	PROF2_HUMAN	PFN2	Profilin-2	3	0.246	2.86E-02	164.8342	40.5548	161.8785	200.8477	161.2751	135.3353	5.598813	33.97471	64.41366	58.232
Q60443	DFNA5_HUMAN	DFNA5	Non-syndromic hearing impairment protein 5	2	0.248	2.86E-02	37.60479	9.340465	38.83731	33.17547	43.29246	35.11391	19.2743	0.467697	17.00406	0.615799
P60660	MYL6_HUMAN	MYL6	Myosin light polypeptide 6	6	0.250	2.86E-02	702.5379	175.9789	732.9438	717.4063	725.2554	634.5462	27.21645	146.117	329.7913	200.7908
P50993	AT1A2_HUMAN	ATP1A2	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-2	4	0.258	2.86E-02	169.6564	43.84495	223.3693	174.9983	168.2163	112.0416	101.4128	56.77979	0	17.18171
Q02218	ODO1_HUMAN	OGDH	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial	3	0.265	2.86E-02	124.0755	32.86367	101.9342	105.1897	158.9228	130.2554	15.25939	25.41067	69.86758	20.91703
Q92552	RT27_HUMAN	MRFPS27	28S ribosomal protein S27, mitochondrial	2	0.269	2.86E-02	27.70029	7.455445	12.38032	39.72326	47.08099	11.61658	10.61391	8.981296	10.22657	0
P35237	SPB6_HUMAN	SERPINB6	Serpin B6	3	0.269	2.86E-02	178.1772	47.97472	120.9759	127.9921	197.3595	266.3814	64.67316	0	73.41137	53.81436
P11021	GRP78_HUMAN	HSPA5	78 kDa glucose-regulated protein	27	0.275	2.86E-02	18989.74	5230.784	16358.84	20498.03	21210.45	17891.64	5962.272	5385.708	5290.869	4284.287
O75828	CBR3_HUMAN	CBR3	Carbonyl reductase [NADPH 3	2	0.276	2.86E-02	288.3565	79.6548	248.5246	334.5002	299.5432	270.8578	74.04491	66.38349	98.74486	79.44592
P08134	RHOC_HUMAN	RHOC	Rho-related GTP-binding protein RhoC	3	0.279	2.86E-02	309.9233	86.37133	365.8839	315.0061	305.1905	253.6127	108.5628	86.25493	83.8136	66.85393

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q969H8	MYDGF_HUMAN	MYDGF	Myeloid-derived growth factor	2	0.279	2.86E-02	279.1994	78.01058	246.1565	292.0085	254.7923	323.8405	98.32259	0	77.52033	136.1994
Q15404	RSU1_HUMAN	RSU1	Ras suppressor protein 1	2	0.288	2.86E-02	84.7745	24.44275	106.5497	88.84317	68.86951	74.84364	40.08342	15.05472	22.78257	19.85029
P52565	GDIR1_HUMAN	ARHGDI3	Rho GDP-dissociation inhibitor 1	5	0.292	2.86E-02	919.2243	268.5151	1099.005	746.7812	710.3947	1120.725	75.3618	108.3662	479.847	410.4855
Q96HE7	ERO1A_HUMAN	ERO1L	ERO1-like protein alpha	8	0.294	2.86E-02	929.8346	273.5305	1064.522	938.2408	958.9884	757.5873	273.3562	258.4576	326.7081	235.6001
Q9BS26	ERP44_HUMAN	ERP44	Endoplasmic reticulum resident protein 44	6	0.299	2.86E-02	372.2382	111.1401	248.8146	386.6298	522.1241	331.3843	99.00931	125.6608	135.8171	84.153
P35606	COPB2_HUMAN	COPB2	Coatomer subunit beta	3	0.300	2.86E-02	41.37363	12.39833	21.61924	25.56854	53.50193	64.8048	0	12.74547	19.54429	17.30355
P30405	PIIF_HUMAN	PIIF	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase F, mitochondrial	1	0.301	2.86E-02	92.41392	27.81677	97.22214	90.69243	86.12246	95.61845	54.16023	57.10685	0	0
Q7Z4W1	DCXR_HUMAN	DCXR	L-xylulose reductase	2	0.308	2.86E-02	87.86353	27.04625	62.3446	119.9509	113.0424	56.11622	22.3185	24.78033	36.76678	24.3194
Q9Y371	SHLB1_HUMAN	SH3GLB1	Endophilin-B1	2	0.310	2.86E-02	48.19845	14.93559	46.37182	53.10947	51.57209	41.74043	12.4822	12.28957	17.92514	17.04544
Q9Y4L1	HYOU1_HUMAN	HYOU1	Hypoxia up-regulated protein 1	9	0.311	2.86E-02	745.0011	237.7835	876.2961	622.7637	812.7652	748.1795	256.2285	186.7479	286.9398	221.2177
Q9NYU2	UGGG1_HUMAN	UGGT1	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase 1	3	0.313	2.86E-02	34.29792	10.72132	40.17763	22.29695	49.76676	24.95033	12.63369	13.44915	16.80244	0
Q9COK3	ARPC3_HUMAN	ACTR3C	Actin-related protein 3C	2	0.320	2.86E-02	186.0862	59.57078	223.7801	162.569	196.1856	161.8102	61.39102	59.14851	57.34977	60.39382
P61026	RAB10_HUMAN	RAB10	Ras-related protein Rab-10	1	0.322	2.86E-02	97.05472	31.26657	102.6189	86.84437	105.1185	93.6371	38.75946	31.32849	31.09978	23.87854
Q9BWD1	THIC_HUMAN	ACA12	Acetyl-CoA acetyltransferase, cytosolic	6	0.323	2.86E-02	531.2147	171.6285	707.2649	393.9013	442.218	581.4747	273.8308	176.3157	101.8839	134.4837
Q43592	XPOT_HUMAN	XPOT	Exportin-1	1	0.323	2.86E-02	12.06179	3.897047	11.80842	12.56716	15.40315	8.468434	0	4.898979	6.033602	4.655606
P55145	MANF_HUMAN	MANF	Mesencephalic astrocyte-derived neurotrophic factor	5	0.326	2.86E-02	705.1783	229.8263	589.5834	810.3637	769.2326	651.5337	249.8157	189.9829	244.7122	234.7944
Q5XKP0	MIC13_HUMAN	MIC13	MICOS complex subunit MIC13	1	0.329	2.86E-02	27.64948	9.102405	28.11146	34.16338	27.53358	20.78949	18.05678	0	18.35284	0
P16152	CBR1_HUMAN	CBR1	Carbonyl reductase [NADPH] 1	9	0.340	2.86E-02	1082.701	368.3384	972.8014	1298.668	1284.971	774.3627	263.8128	370.9567	431.1199	407.4643
O14983	AT2A1_HUMAN	ATP2A1	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 1	1	0.343	2.86E-02	72.92339	25.0119	59.73483	85.4544	79.75488	66.74946	38.68877	36.89844	0	24.46039
P22307	NLTP_HUMAN	SCP2	Non-specific lipid-transfer protein	1	0.343	2.86E-02	54.53439	18.71416	49.12658	70.03838	62.11952	36.8531	24.81292	15.91697	18.20773	15.91902
POC055	H2AZ_HUMAN	H2AFZ	Histone H2A.Z	2	0.348	2.86E-02	195.3648	67.93416	193.6952	193.3857	183.2103	211.1678	48.87853	70.47671	151.8644	0.517033
P18031	PTN1_HUMAN	PTPN1	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 1	6	0.357	2.86E-02	174.0721	62.18757	147.2186	135.1831	181.4228	232.4636	83.33587	43.22162	58.77034	63.42247
Q13126	MTAP_HUMAN	MTAP	S-methyl-S-thioadenosine phosphorylase	4	0.357	2.86E-02	491.3883	175.6402	521.8904	453.2909	398.9612	591.4108	145.4338	125.0662	239.175	192.8858
Q9BPX5	ARPC5L_HUMAN	ARPC5L	Actin-related protein 2/3 complex subunit 5-like protein	1	0.363	2.86E-02	64.58539	23.42279	74.07248	60.81403	59.90509	63.54995	26.7519	25.58014	17.09266	24.26444
P60981	DEST_HUMAN	DSTN	Destrin	3	0.367	2.86E-02	551.3813	202.2708	625.1376	503.0311	502.6478	574.7087	222.4377	199.091	206.7311	180.8234
P63000	RAC1_HUMAN	RAC1	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 1	1	0.377	2.86E-02	34.59428	13.04183	32.57385	39.64285	32.85175	33.30868	20.5411	14.07354	0	17.5527
Q9UNZ2	NSFL1C_HUMAN	NSFL1C	NSFL1 cofactor p47	3	0.387	2.86E-02	151.5468	58.57857	163.0062	174.0448	139.989	129.1473	97.3632	61.16043	0	75.79067
P50454	SERPH_HUMAN	SERPINH1	Serpin H1	8	0.396	2.86E-02	960.4132	380.5696	1179.296	1016.619	877.3926	768.3453	549.9642	401.8788	290.6516	279.7839
P21333	FLNA_HUMAN	FLNA	Filamin-A	43	0.397	2.86E-02	4320.095	1714.523	4905.613	3004.66	3237.374	6132.731	1322.275	2092.065	2250.765	1192.987
P37108	SRP14_HUMAN	SRP14	Signal recognition particle 14 kDa protein	2	0.399	2.86E-02	61.52671	24.57982	81.03188	52.29042	58.05529	54.72927	0	29.77247	29.78614	38.76066
Q01518	CAP1_HUMAN	CAP1	Adenylyl cyclase-associated protein 1	7	0.407	2.86E-02	1324.923	539.2689	1203.549	1415.786	1392.758	1287.598	586.2595	447.925	559.6552	563.2357
Q9H0N0	RAB6C_HUMAN	RAB6C	Ras-related protein Rab-6C	1	0.407	2.86E-02	67.46346	27.45927	56.31152	81.25003	74.60567	57.68662	32.1851	30.78339	24.32534	22.54325
Q07065	CKAP4_HUMAN	CKAP4	Cytoskeleton-associated protein 4	16	0.409	2.86E-02	1114.2	455.3248	1412.83	1026.073	981.7374	1036.158	344.7754	495.9049	713.2481	267.371

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O00299	CLIC1_HUMAN	CLIC1	Chloride intracellular channel protein 1	8	0.413	2.86E-02	1960.849	809.1083	2769.832	1422.743	1266.633	2384.187	863.527	592.1887	850.081	930.6363
P11413	G6PD_HUMAN	G6PD	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase	10	0.415	2.86E-02	814.1094	337.6302	615.9711	907.6271	870.6515	862.1878	411.9632	242.9568	334.1928	361.4081
Q16851	UGPA_HUMAN	UGP2	UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase	4	0.416	2.86E-02	242.609	101.04	233.897	253.8015	223.5769	259.1405	137.1224	82.70682	126.339	57.9918
Q14019	COTL1_HUMAN	COTL1	Coactosin-like protein	4	0.422	2.86E-02	302.0101	127.3183	303.8856	239.4538	262.2449	402.4561	82.87132	69.86223	171.2703	185.2694
Q94J6	GMPPA_HUMAN	GMPPA	Mannose-1-phosphate guanylyltransferase alpha	2	0.426	2.86E-02	56.37993	24.00973	47.68476	59.58489	62.83098	55.41908	31.00353	29.53461	0	35.50077
P09211	GSTP1_HUMAN	GSTP1	Glutathione S-transferase P	10	0.441	2.86E-02	8381.028	3693.103	7858.537	9127.849	8362.897	8174.827	4095.059	3175.407	3859.855	3642.092
P54577	SY5C_HUMAN	YARS	Tyrosine-tRNA ligase, cytoplasmic	11	0.442	2.86E-02	740.0121	327.2783	597.5175	818.221	860.4509	683.8591	323.2628	234.1163	384.1495	367.5847
Q00610	CLH1_HUMAN	CLIC	Clathrin heavy chain 1	31	0.443	2.86E-02	2183.364	968.2891	1634.121	1763.852	2458.056	2877.426	778.3309	1420.113	771.7664	902.9458
P63104	I433Z_HUMAN	YWHAZ	14-3-3 protein zeta/delta	11	0.458	2.86E-02	9824.725	4503.877	10336.87	9777.801	8745.134	10439.09	4231.301	4037.164	5269.747	4477.295
P30101	PDIA3_HUMAN	PDIA3	Protein disulfide-isomerase A3	20	0.460	2.86E-02	6649.002	3059.351	6563.629	6787.319	7368.927	5876.132	2763.487	2879.315	3809.015	2785.586
P27797	CALR_HUMAN	CALR	Calreticulin	12	0.464	2.86E-02	2749.321	1276.168	3112.263	2640.657	2650.409	2593.956	688.1016	720.3313	2246.02	1450.22
Q13813	SPTN1_HUMAN	SPTAN1	Spectrin alpha chain, non-erythrocytic 1	28	0.465	2.86E-02	1164.467	541.9029	1295.427	996.1812	1292.012	1074.247	619.5786	472.0985	765.0813	310.8533
P48637	GSHB_HUMAN	GSS	Glutathione synthetase	6	0.466	2.86E-02	383.6009	178.911	319.4409	427.3371	461.721	325.7045	216.4592	163.035	128.2102	207.9395
P50213	IDH3A_HUMAN	IDH3A	Isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit alpha, mitochondrial	4	0.473	2.86E-02	229.7989	108.5992	189.1522	295.1215	255.5215	179.4002	64.33989	91.09147	160.3411	118.6243
P40616	ARL1_HUMAN	ARL1	ADP-ribosylation factor-like protein 1	1	0.477	2.86E-02	36.57071	17.43427	26.95156	42.23899	49.66893	27.42334	26.88319	22.22033	0	20.63356
Q15738	NSDHL_HUMAN	NSDHL	Sterol-4-alpha-carboxylate 3-dehydrogenase, decarboxylating	3	0.481	2.86E-02	123.361	59.33688	114.0756	129.7152	132.1007	117.5527	79.71037	54.86698	56.95262	45.81755
P51571	SSRD_HUMAN	SSR4	Translocon-associated protein subunit delta	2	0.482	2.86E-02	259.8924	125.3071	242.2901	237.6273	236.4721	323.1801	136.1328	108.5645	113.7525	142.7789
Q15418	KS6A1_HUMAN	RPS6KA1	Ribosomal protein S6 kinase alpha-1	1	0.490	2.86E-02	17.17728	8.416075	17.92206	14.80719	17.50196	18.47792	11.03806	0	11.57841	11.04783
Q6DKJ4	NXN_HUMAN	NXN	Nucleoredoxin	2	2.005	2.86E-02	17.1976	34.48894	25.41308	20.26369	23.11362	0	35.48642	32.71404	32.35233	37.40299
P31943	HNRH1_HUMAN	HNRNPH1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H	9	2.006	2.86E-02	1175.448	2357.832	1245.458	1306.491	1113.891	1035.952	2456.619	2238.84	2612.386	2123.483
P62888	RL30_HUMAN	RPL30	60S ribosomal protein L30	6	2.011	2.86E-02	402.205	808.8946	405.3	303.9553	329.4958	570.0688	888.5642	840.1754	630.0982	876.7406
P40925	MDHC_HUMAN	MDH1	Malate dehydrogenase, cytoplasmic	8	2.018	2.86E-02	795.5166	1605.545	879.1999	537.4587	873.5952	891.8127	1488.816	1404.784	1920.931	1607.65
O00629	IMA3_HUMAN	KPNA4	Importin subunit alpha-3	9	2.024	2.86E-02	143.4484	290.3489	172.4384	141.9691	112.3772	147.0088	338.6434	211.2438	283.0536	328.4548
Q9H9B4	SFXN1_HUMAN	SFXN1	Sideroflexin-1	8	2.025	2.86E-02	254.58	515.4259	124.657	376.6702	382.393	134.5997	488.0581	470.2445	684.8367	418.5644
P13639	EF2_HUMAN	EEF2	Elongation factor 2	31	2.027	2.86E-02	3596.716	7291.492	4368.351	2188.914	3081.825	4747.775	7183.024	8048.892	6192.092	7741.959
O43432	IF4G3_HUMAN	EIF4G3	Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 3	1	2.029	2.86E-02	17.2958	35.09229	29.02971	14.88761	0	25.26587	35.66921	41.78453	29.17514	33.74027
P23526	SAHH_HUMAN	AHCY	Adenosylhomocysteinase	6	2.033	2.86E-02	659.4861	1340.48	597.0616	612.8042	702.3543	725.7242	1496.885	1565.255	1146.972	1152.809
P19623	SPEE_HUMAN	SRM	Spermidine synthase	6	2.038	2.86E-02	173.9709	354.4716	158.9707	177.6404	185.3981	173.8744	360.2539	379.6575	277.8435	400.1315
Q05682	CALD1_HUMAN	CALD1	Caldesmon	3	2.040	2.86E-02	50.80289	103.6617	42.48938	54.07096	53.57308	53.07815	111.845	107.286	119.4119	76.10397
P26599	PTBP1_HUMAN	PTBP1	Polypyrimidine tract-binding protein 1	11	2.048	2.86E-02	1529.07	3131.975	1670.352	1506.147	1285.603	1654.177	3278.216	3070.125	3428.934	2750.625
O96000	NDUBA_HUMAN	NDUFB10	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 10	1	2.050	2.86E-02	30.14927	61.79778	42.6827	0	43.71044	34.20396	77.7209	56.8789	52.00354	60.58777
Q13838	DX39B_HUMAN	DDX39B	Spliceosome RNA helicase DDX39B	8	2.054	2.86E-02	589.9581	1212.003	559.8127	620.4548	652.6507	526.9142	1307.804	1248.253	1130.651	1161.305
P50402	EMD_HUMAN	EMD	Emerin	2	2.058	2.86E-02	52.48681	108.0364	53.14596	57.22998	55.97426	43.59702	109.3405	92.13212	117.7927	112.8804

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q13404	UB2V1_HUMAN	UBE2V1	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1	1	2.069	2.86E-02	143.7655	297.5155	149.4982	150.2545	132.0651	143.2442	370.1235	291.1835	275.0253	253.7296
P06737	PYGL_HUMAN	PYGL	Glycogen phosphorylase, liver form	15	2.079	2.86E-02	340.2277	707.2833	126.3968	305.6623	438.4384	490.4133	707.7681	870.2997	706.8097	544.2556
Q13363	CTBP1_HUMAN	CTBP1	C-terminal-binding protein 1	1	2.080	2.86E-02	21.33716	44.37063	23.80211	34.3242	27.22231	0	41.00141	39.45546	46.67258	50.35305
P30050	RL12_HUMAN	RPL12	60S ribosomal protein L12	4	2.080	2.86E-02	538.8528	1120.727	660.4984	429.8337	422.9018	642.1773	1193.08	1089.213	974.3121	1226.302
Q9UNH7	SNX6_HUMAN	SNX6	Sorting nexin-6	2	2.081	2.86E-02	18.79179	39.10374	17.85762	14.60042	17.50196	25.20717	33.25558	25.97658	55.34875	41.83406
P11908	PRPS2_HUMAN	PRPS2	Ribose-phosphate pyrophosphokinase 2	4	2.086	2.86E-02	218.6961	456.1447	175.9906	385.1709	164.8457	148.7773	517.7993	449.5861	410.385	446.8084
Q15046	SYK_HUMAN	KARS	Lysine-tRNA ligase	9	2.100	2.86E-02	264.851	556.2634	316.266	144.6143	225.1421	373.3816	570.5356	618.2743	613.4646	422.7791
P20700	LMNB1_HUMAN	LMNB1	Lamin-B1	9	2.106	2.86E-02	334.2005	703.838	321.6788	486.7995	315.8446	212.4789	688.447	658.6343	947.3913	520.8796
Q9NSD9	SYFB_HUMAN	FAR5B	Phenylalanine-tRNA ligase beta subunit	9	2.109	2.86E-02	169.9116	358.2776	117.3593	143.7757	217.067	201.4445	409.8121	365.9417	310.8603	346.4961
Q15173	PGRC2_HUMAN	PGRMC2	Membrane-associated progesterone receptor component 2	4	2.111	2.86E-02	91.27204	192.6738	86.19504	103.4551	102.2015	73.23654	248.1595	211.6779	161.7158	149.142
Q8NFF5	FAD1_HUMAN	FLAD1	FAD synthase	1	2.114	2.86E-02	11.48726	24.28731	0	16.55327	19.12943	10.26633	23.66165	21.34817	25.15019	26.98924
P48147	PPCE_HUMAN	PREP	Prolyl endopeptidase	10	2.119	2.86E-02	183.2548	388.3387	182.7084	140.2031	182.0868	228.021	498.5105	349.6481	450.626	254.5701
P25787	PSA2_HUMAN	PSMA2	Proteasome subunit alpha type-2	6	2.120	2.86E-02	333.9189	707.8032	403.927	349.3763	320.1223	262.2499	790.9131	665.8865	616.9243	757.4889
O00487	PSDE_HUMAN	PSMD14	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14	7	2.122	2.86E-02	163.8683	347.8022	183.9649	136.6765	135.3467	199.4852	373.8324	319.8162	320.9342	376.6259
P08865	RSSA_HUMAN	RPSA	40S ribosomal protein SA	10	2.124	2.86E-02	1935.287	4110.794	2498.931	1717.428	1605.547	1919.243	5103.272	4559.281	2972.641	3807.981
P50990	TCFQ_HUMAN	CCT8	T-complex protein 1 subunit theta	22	2.130	2.86E-02	1848.372	3937.497	2098.361	1722.075	1641.627	1931.427	4181.709	4178.79	3306.735	4082.752
Q86981	THOC4_HUMAN	ALYREF	THO complex subunit 4	2	2.146	2.86E-02	68.2494	146.4882	80.63719	35.64525	78.1363	78.57885	144.5855	128.9215	145.6466	166.7991
P23246	SFPQ_HUMAN	SFPQ	Splicing factor, proline- and glutamine-rich	8	2.149	2.86E-02	654.2868	1406.272	758.2392	509.9033	611.2987	737.706	1361.482	1477.825	1645.012	1140.77
P20618	PSB1_HUMAN	PSMB1	Proteasome subunit beta type-1	6	2.153	2.86E-02	180.607	388.7968	229.4346	196.2499	191.0275	105.716	424.2989	356.1507	429.8162	344.9214
Q9Y696	CLIC4_HUMAN	CLIC4	Chloride intracellular channel protein 4	3	2.154	2.86E-02	136.7435	294.5962	169.7481	179.7541	118.6363	78.83569	371.3657	236.8319	297.6093	272.5778
P47985	UCR1_HUMAN	UQCRCF1	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial	2	2.155	2.86E-02	24.77298	53.39091	30.29432	38.66642	0	30.13119	40.49646	54.902	64.2464	53.91879
P46109	CRKL_HUMAN	CRKL	Crk-like protein	3	2.162	2.86E-02	54.4487	117.7268	84.48741	27.04122	25.85275	80.41343	108.6941	120.5567	113.7372	127.9191
P48643	TCPE_HUMAN	CCT5	T-complex protein 1 subunit epsilon	20	2.174	2.86E-02	1071.166	2328.754	1258.271	970.9824	899.7419	1155.67	2317.933	2376.741	2093.896	2526.445
Q13509	TBB3_HUMAN	TUBB3	Tubulin beta-3 chain	11	2.179	2.86E-02	631.7526	1376.347	718.139	698.6836	528.9186	581.2692	1054.146	1290.438	1629.856	1530.948
P62318	SMD3_HUMAN	SNRPD3	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3	4	2.181	2.86E-02	340.9259	743.4743	333.1087	329.1471	331.897	369.551	833.3688	895.5825	743.355	501.591
P30084	ECHM_HUMAN	ECHS1	Enoyl-CoA hydratase, mitochondrial	6	2.182	2.86E-02	316.152	689.8063	242.1854	433.165	380.6143	208.6434	766.1709	545.7163	875.5214	571.8167
Q7L5N1	CSN6_HUMAN	COPS6	COP9 signalosome complex subunit 6	2	2.191	2.86E-02	42.1932	92.46232	35.73135	10.65682	59.40707	62.97756	102.8873	94.7387	94.2693	77.95398
Q13435	SF3B2_HUMAN	SF3B2	Splicing factor 3B subunit 2	3	2.192	2.86E-02	40.66705	89.14766	71.77684	41.84038	30.72715	18.32381	81.07372	74.20323	95.66925	105.6444
O60506	HNRQP_HUMAN	SYNCRIP	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Q	12	2.194	2.86E-02	532.0095	1167.457	607.8518	337.0733	384.8564	798.2563	885.7617	1110.135	1450.829	1223.104
P62491	RB11A_HUMAN	RAB11A	Ras-related protein Rab-11A	4	2.196	2.86E-02	140.3414	308.2041	160.1507	4.693731	153.5895	242.9315	317.0641	343.325	296.0971	276.3301
Q99623	PHB2_HUMAN	PHB2	Prohibitin-2	11	2.208	2.86E-02	1055.557	2331.041	954.6296	1071.663	1359.782	836.1522	2230.633	2414.484	2813.64	1865.405
O00148	DX39A_HUMAN	DDX39A	ATP-dependent RNA helicase DDX39A	1	2.214	2.86E-02	12.76247	28.26086	0	15.88701	18.74702	16.41585	35.79039	29.97069	19.66649	27.61585
O00170	AIP_HUMAN	AIP	AH receptor-interacting protein	2	2.223	2.86E-02	38.28779	85.1281	43.44791	40.5044	42.75886	26.44001	62.11814	77.68197	105.1832	95.52906

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P00492	HPRT_HUMAN	HPRT1	Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase	4	2.223	2.86E-02	111.0206	246.8418	180.8074	143.902	52.7549	66.6181	236.3034	251.6587	223.3884	276.0168
Q9Y265	RUVB1_HUMAN	RUVB1	RuvB-like 1	10	2.227	2.86E-02	781.2803	1739.897	478.5413	874.3597	846.195	726.0251	1939.397	1598.576	1681.557	1740.06
P26441	EF1G_HUMAN	EEF1G	Elongation factor 1-gamma	15	2.227	2.86E-02	1824.772	4063.903	1867.03	1367.629	1932.215	2132.214	4433.42	4713.057	3349.823	3759.313
P40227	TCF2_HUMAN	CCCT6A	T-complex protein 1 subunit zeta	13	2.232	2.86E-02	1017.778	2271.896	1159.569	826.2449	945.7344	1139.562	2395.603	2340.003	1860.992	2490.984
Q32P51	RA1L2_HUMAN	HNRNPA1L2	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2	10	2.233	2.86E-02	1431.364	3196.43	1776.66	955.851	1271.708	1721.235	2587.154	3277.836	3262.284	3658.446
Q14152	EIF3A_HUMAN	EIF3A	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A	13	2.258	2.86E-02	277.2766	626.1371	351.6671	169.404	209.3921	378.6432	621.959	812.5288	652.6601	417.4007
Q5JRX3	PREP_HUMAN	PITRM1	Presequence protease, mitochondrial	5	2.258	2.86E-02	36.50356	82.43498	62.0063	0	45.78257	38.22537	81.0818	73.7166	88.94598	85.99555
P00441	SODC_HUMAN	SOD1	Superoxide dismutase [Cu-Zn]	5	2.272	2.86E-02	390.6776	887.5053	398.2725	450.2008	491.1666	223.0706	696.0443	825.7004	1021.596	1006.681
P62316	SMD2_HUMAN	SNRPD2	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D2	3	2.285	2.86E-02	119.0273	271.9238	128.3864	144.1548	80.72425	122.8437	168.9036	282.0423	310.7152	326.0341
P17980	PRS6A_HUMAN	PSMC3	26S protease regulatory subunit 6A	8	2.288	2.86E-02	231.5628	529.8951	265.4318	233.0324	180.8447	246.9422	472.3241	518.4414	537.9834	590.8315
Q16891	MIC60_HUMAN	IMMT	MICOS complex subunit MIC60	11	2.320	2.86E-02	307.9305	714.4222	276.5555	337.2812	402.2339	215.6515	618.1558	644.8158	894.9178	699.7992
P08579	RU2B_HUMAN	SNRPB2	U2 small nuclear ribonucleoprotein B	2	2.344	2.86E-02	64.46635	151.0883	81.27352	60.02141	55.74304	60.82743	159.6409	152.4699	154.3869	137.8555
Q43390	HNRPR_HUMAN	HNRNPR	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R	14	2.378	2.86E-02	833.1257	1981.584	893.6342	600.0877	792.7642	1046.017	2049.262	1554.621	2524.245	1798.208
Q14103	HNRPD_HUMAN	HNRNPD	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D0	6	2.383	2.86E-02	845.0334	2014.023	916.1193	850.1214	824.193	789.6998	1898.113	1872.663	2244.676	2040.641
Q12906	ILF3_HUMAN	ILF3	Interleukin enhancer-binding factor 3	8	2.385	2.86E-02	435.642	1038.978	441.1783	367.9789	455.8834	477.5272	943.4777	869.7516	1375.502	967.1804
Q9BRA2	TXD17_HUMAN	TXNDC17	Thioredoxin domain-containing protein 17	4	2.391	2.86E-02	207.3281	495.721	227.7108	203.9809	207.6313	189.9894	458.6603	485.6065	455.1932	583.424
P32322	PSCR1_HUMAN	PYCR1	Pyroline-5-carboxylate reductase 1, mitochondrial	4	2.392	2.86E-02	114.0937	272.9561	58.32193	139.5483	218.694	39.81045	281.4424	220.9153	353.9884	235.4785
P06899	H2B1J_HUMAN	HIST1H2BJ	Histone H2B type 1-J	1	2.401	2.86E-02	485.5815	1165.767	471.1287	479.1374	485.1281	506.9319	1234.082	952.6398	1302.189	1174.159
Q15366	PCBP2_HUMAN	PCBP2	Poly(rC)-binding protein 2	4	2.406	2.86E-02	578.8411	1392.702	781.8851	554.3106	513.7644	465.4043	1725.089	1334.409	1022.826	1488.482
P06865	HEXA_HUMAN	HEXA	Beta-hexosaminidase subunit alpha	3	2.418	2.86E-02	26.37834	63.77278	20.88625	53.82972	30.79741	0	65.78403	59.63315	64.17767	65.49626
Q75821	EIF3G_HUMAN	EIF3G	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G	5	2.442	2.86E-02	153.6508	375.162	224.0298	119.1009	136.8141	134.6584	333.5858	492.227	386.8455	287.9896
Q99439	CNN2_HUMAN	CNN2	Calponin-2	4	2.447	2.86E-02	178.7206	437.3105	194.4443	188.8061	202.9178	128.7143	400.5009	459.7191	418.7396	470.2826
P40939	ECHA_HUMAN	HADHA	Trifunctional enzyme subunit alpha, mitochondrial	14	2.454	2.86E-02	332.9905	817.0982	239.632	340.1634	429.7497	322.4169	477.9916	789.9338	1225.791	774.6761
Q00688	FKBP3_HUMAN	FKBP3	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP3	3	2.457	2.86E-02	81.48836	200.2188	86.65417	83.5475	40.68673	115.065	184.6881	138.3766	297.4795	180.3311
P62266	RS23_HUMAN	RPS23	40S ribosomal protein S23	2	2.469	2.86E-02	110.0506	271.7476	122.5063	77.84977	98.71534	141.1308	377.3008	261.9026	154.4678	293.3191
Q92499	DDX1_HUMAN	DDX1	ATP-dependent RNA helicase DDX1	13	2.475	2.86E-02	227.2313	562.4979	203.1701	226.3203	191.1757	288.2589	481.4919	559.519	651.0791	557.9019
Q92688	AN32B_HUMAN	ANP32B	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member B	1	2.486	2.86E-02	126.9723	315.6989	152.559	143.5919	113.4782	98.26025	279.1327	273.542	315.4275	394.6933
P53041	PPP5C_HUMAN	PPP5C	Serine/threonine-protein phosphatase 5	2	2.495	2.86E-02	48.8323	121.8574	51.84912	34.93303	40.07309	68.47397	135.0017	123.3615	100.0432	129.0232
Q9HAV7	GRPE1_HUMAN	GRPEL1	GrpE protein homolog 1, mitochondrial	2	2.500	2.86E-02	52.29016	130.7071	50.19788	42.57557	15.83003	100.5571	107.2591	138.5847	131.6471	145.3376
Q8N163	CCAR2_HUMAN	CCAR2	Cell cycle and apoptosis regulator protein 2	6	2.501	2.86E-02	123.088	307.8862	131.5278	120.284	139.3665	101.1736	396.2594	267.2486	274.4449	293.5919
Q00266	METK1_HUMAN	MAT1A	S-adenosylmethionine synthase isoform type-1	1	2.506	2.86E-02	38.44935	96.33971	42.44105	36.93183	36.25788	38.16666	119.9746	111.4981	63.77288	90.11331
Q15365	PCBP1_HUMAN	PCBP1	Poly(rC)-binding protein 1	9	2.509	2.86E-02	1176.269	2951.273	1388.827	1166.627	1121.843	1027.78	3367.993	2680.811	2860.049	2896.24
P62280	RS11_HUMAN	RPS11	40S ribosomal protein S11	2	2.510	2.86E-02	84.67092	212.4933	110.0068	0	112.1442	116.5327	223.3466	263.5419	148.0065	215.0784

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P07910	HNRPC_HUMAN	HNRNPC	Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins C1/C2	3	2.510	2.86E-02	845.2308	2121.42	872.8084	800.8292	876.4766	830.8091	2034.316	2142.845	2234.495	2074.024
P46778	RL21_HUMAN	RPL21	60S ribosomal protein L21	1	2.510	2.86E-02	175.4878	440.5424	198.2301	142.9026	144.3378	216.4808	514.5374	473.9413	247.9225	505.7484
P07814	SYEP_HUMAN	EPRS	Bifunctional glutamate/proline-tRNA ligase	19	2.511	2.86E-02	255.7504	642.2385	281.0018	184.7166	244.3694	312.9138	503.8427	639.0503	838.8921	587.1488
P07900	HSP90A_HUMAN	HSP90AA1	Heat shock protein HSP 90-alpha	32	2.511	2.86E-02	7235.271	18170.07	10308.59	6169.805	6764.491	5698.195	14507.95	20214.34	13236.36	24721.64
P56134	ATPK_HUMAN	ATP5J2	ATP synthase subunit f, mitochondrial	2	2.512	2.86E-02	18.04473	45.33387	19.97405	25.67423	26.52864	0	30.3471	48.29602	65.78917	36.90319
P17174	AATC_HUMAN	GOT1	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic	6	2.518	2.86E-02	178.4902	449.8544	191.1096	138.1469	190.9386	194.5456	410.0935	429.6691	528.2227	431.4324
Q9UMX0	UBQL1_HUMAN	UBQLN1	Ubiquilin-1	1	2.520	2.86E-02	25.21433	63.55196	34.08816	37.01224	0	29.75693	79.63968	64.18326	45.34366	65.04122
P63244	GBLP_HUMAN	GNB2L1	Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-2-like 1	16	2.521	2.86E-02	2052.262	5173.201	2324.664	2001.234	1722.165	2160.984	5209.894	5844.206	4624.654	5014.049
O96008	TOM40_HUMAN	TOMM40	Mitochondrial import receptor subunit TOM40 homolog	5	2.523	2.86E-02	109.4994	276.2166	96.86773	133.7013	132.9811	74.44737	358.8	171.0926	308.5844	266.3893
Q4VC31	CCD58_HUMAN	CCDC58	Coiled-coil domain-containing protein 58	1	2.525	2.86E-02	32.93504	83.14543	0	53.84121	44.37744	33.5215	95.5151	78.24689	73.18224	85.63749
Q13561	DCTN2_HUMAN	DCTN2	Dynactin subunit 2	5	2.532	2.86E-02	74.78274	189.3626	97.03688	42.98567	81.97523	77.1332	193.8882	113.5794	245.7433	204.2394
Q58FF8	H90B2_HUMAN	HSP90AB2P	Putative heat shock protein HSP 90-beta 2	5	2.543	2.86E-02	2980.531	7579.846	3969.443	2393.944	2507.147	3051.572	8442.281	7924.069	5956.158	7996.878
O00217	NDU5B_HUMAN	NDUFS8	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 8, mitochondrial	1	2.555	2.86E-02	9.075723	23.18561	13.97518	0	9.133392	13.19432	23.91412	21.35808	28.06007	19.41017
P49368	TCFG_HUMAN	CCCT3	T-complex protein 1 subunit gamma	17	2.570	2.86E-02	1498.033	3849.727	1472.404	1239.405	1496.667	1783.655	3491.382	3896.289	3551.538	4459.699
Q92841	DDX17_HUMAN	DDX17	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX17	16	2.575	2.86E-02	948.6075	2442.715	951.2143	1020.559	965.6346	857.0217	2616.492	2253.877	2516.554	2383.937
O60502	OGA_HUMAN	MGEA5	Protein O-GlcNAcase	2	2.577	2.86E-02	32.96733	84.96871	47.78142	30.61953	20.84583	32.62255	93.47513	66.90877	90.50403	88.9869
P30086	PEBP1_HUMAN	PEBP1	Phosphatidylethanolamine-binding protein 1	8	2.578	2.86E-02	625.8611	1613.368	599.4667	614.2746	700.5232	589.1799	1452.965	1330.504	1787.275	1882.727
Q9UBT2	SAE2_HUMAN	UBA2	SUMO-activating enzyme subunit 2	4	2.585	2.86E-02	49.37714	127.6483	72.29235	38.14949	48.04146	39.02524	117.47	116.8109	145.1287	131.1835
Q9NZL9	MAT2B_HUMAN	MAT2B	Methionine adenosyltransferase 2 subunit beta	2	2.593	2.86E-02	98.27003	254.7769	120.984	116.2635	103.5177	52.31496	308.6214	224.6811	206.3645	279.4408
Q96AE4	FUBP1_HUMAN	FUBP1	Far upstream element-binding protein 1	4	2.596	2.86E-02	85.5087	221.9492	115.6678	68.22337	71.15508	86.98858	184.2236	228.031	225.3359	250.2062
P17987	TCPA_HUMAN	TCP1	T-complex protein 1 subunit alpha	14	2.596	2.86E-02	1060.296	2752.238	1201.875	842.6293	1098.791	1097.891	3099.461	2933.29	1999.606	2976.596
P62263	RS14_HUMAN	RPS14	40S ribosomal protein S14	2	2.596	2.86E-02	27.77255	72.10428	26.17829	30.05091	20.89919	33.9618	92.46524	49.38623	59.4959	87.06975
P22626	ROA2_HUMAN	HNRNPA2B1	Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins A2/B1	10	2.599	2.86E-02	1692.848	4400.477	2102.53	1446.372	1544.477	1678.012	3778.535	3698.097	5417.12	4708.155
Q9BT78	CSN4_HUMAN	COPS4	COP9 signalosome complex subunit 4	8	2.605	2.86E-02	77.75432	202.5241	127.1862	52.91074	61.17683	69.7435	245.2914	190.8055	167.0582	206.9413
O00154	BACH_HUMAN	ACOT7	Cytosolic acyl coenzyme A thioester hydrolase	7	2.610	2.86E-02	284.9298	743.6229	285.6414	261.8312	308.6055	283.6412	765.363	828.0791	645.3281	735.7215
O14980	XPO1_HUMAN	XPO1	Exportin-1	16	2.612	2.86E-02	148.2703	387.2387	172.8814	149.864	176.3536	93.982	292.2825	481.764	392.276	382.6325
P62333	PRS10_HUMAN	PSMC6	26S protease regulatory subunit 10b	7	2.630	2.86E-02	117.6611	309.4996	123.6421	91.78393	177.3319	77.8866	306.2583	287.784	337.6679	306.2883
P57721	PCBP3_HUMAN	PCBP3	Poly(YC)-binding protein 3	5	2.633	2.86E-02	303.5292	799.0519	378.5783	301.8531	285.1361	248.5493	864.1592	864.7785	650.4366	816.8332
Q9UBQ7	GRHRP_HUMAN	GRHRP	Glyoxylate reductase/hydroxypruvate reductase	5	2.634	2.86E-02	79.99482	210.6793	138.8416	78.4586	60.38829	42.2908	202.2299	201.3705	241.1233	197.9934
Q555J5	HP1B3_HUMAN	HP1BP3	Heterochromatin protein 1-binding protein 3	1	2.638	2.86E-02	17.02596	44.91305	16.47219	0	35.20847	16.42318	47.85854	49.15828	39.92106	42.71431
Q9Y617	SERC_HUMAN	PSAT1	Phosphoserine aminotransferase	12	2.642	2.86E-02	475.8197	1257.254	503.2192	498.7693	517.8553	383.4351	1228.72	1208.974	1274.579	1316.743
Q14240	IF4A2_HUMAN	EIF4A2	Eukaryotic initiation factor 4A-II	2	2.651	2.86E-02	72.2455	191.5483	72.95285	78.17142	91.95645	45.90126	211.2784	274.325	172.7672	107.8227
P68400	CSK21_HUMAN	CSNK2A1	Casein kinase II subunit alpha	6	2.667	2.86E-02	143.6455	383.0682	159.9614	81.22706	175.8467	157.5466	363.1755	462.0878	399.0578	307.9518

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P07195	LDHB_HUMAN	LDHB	L-lactate dehydrogenase B chain	19	2.674	2.86E-02	3089.778	8262.183	3225.471	2977.999	2962.636	3193.005	8450.811	7247.836	8075.643	9274.443
P82673	RT35_HUMAN	MRP35	28S ribosomal protein S35, mitochondrial	1	2.679	2.86E-02	5.594598	14.98647	0	11.51033	0	10.86807	12.67408	12.26975	18.9542	16.04584
Q8N859	TXND5_HUMAN	TXND5	Thioredoxin domain-containing protein 5	8	2.679	2.86E-02	285.7276	765.5749	395.2197	250.1256	182.3032	315.262	803.9407	777.6522	747.0516	733.6551
P55884	EIF3B_HUMAN	EIF3B	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B	9	2.680	2.86E-02	214.7449	575.5003	216.6676	108.3257	233.8338	300.1524	554.6703	664.1917	468.4443	614.6951
P61201	CSN2_HUMAN	COPS2	COP9 signalosome complex subunit 2	4	2.681	2.86E-02	37.42475	100.3269	49.97234	41.76801	7.977267	49.98137	110.421	84.02497	93.11604	113.7457
P14678	RSMB_HUMAN	SNRPB	Small nuclear ribonucleoprotein-associated proteins B and B	3	2.694	2.86E-02	159.3783	429.4167	214.9842	61.41138	173.3299	187.7879	471.5667	430.0259	415.5548	400.5194
P06744	G6PI_HUMAN	GPI	Glucose-6-phosphate isomerase	13	2.703	2.86E-02	637.4042	1723.184	694.063	557.9636	676.1289	621.4612	1449.561	2044.137	1757.298	1641.741
Q13148	TADBP_HUMAN	TARDBP	TAR DNA-binding protein 43	6	2.720	2.86E-02	172.5266	469.1957	190.5538	140.1043	125.7509	233.6975	505.9503	471.081	482.6194	417.1321
P49257	LMAN1_HUMAN	LMAN1	Protein ERGIC-53	3	2.722	2.86E-02	73.49192	200.0652	105.3575	87.67146	100.9387	0	125.1452	279.4291	247.7977	147.8888
P14868	SYDC_HUMAN	DARS	Aspartate-tRNA ligase, cytoplasmic	10	2.729	2.86E-02	217.8052	594.4064	165.3429	185.0153	221.9548	298.9078	618.3558	656.7783	646.3897	456.1017
P78371	TCPB_HUMAN	CCT2	T-complex protein 1 subunit beta	25	2.730	2.86E-02	1546.981	4223.787	1750.305	1359.149	1273.437	1805.034	4347.815	4209.459	3553.724	4784.15
P62851	RS25_HUMAN	RPS25	40S ribosomal protein S25	4	2.733	2.86E-02	241.2597	659.2931	311.868	165.4753	177.8566	309.839	612.6681	958.6855	477.7696	588.049
Q9Y3D7	TIM16_HUMAN	PAM16	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM16	1	2.736	2.86E-02	13.65327	37.35662	15.1673	22.85983	16.58596	0	39.59767	44.65871	34.70467	30.46546
Q16401	PSMD5_HUMAN	PSMD5	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 5	8	2.746	2.86E-02	151.5414	416.1477	188.0085	131.8633	173.4011	112.8929	527.1408	372.0469	376.7895	388.6137
P09622	DLDH_HUMAN	DLD	Dihydropyridyl dehydrogenase, mitochondrial	5	2.749	2.86E-02	132.8732	365.3294	36.19048	153.8156	230.487	110.9996	374.7488	309.9152	439.124	337.5296
Q15717	ELAV1_HUMAN	ELAVL1	ELAV-like protein 1	6	2.751	2.86E-02	249.206	685.6486	312.8749	260.3838	241.648	181.9172	738.3586	636.0546	691.1529	677.0285
Q5JQF8	PAP1M_HUMAN	PABPC1L2A	Polyadenylate-binding protein 1-like 2	1	2.775	2.86E-02	124.8114	346.398	165.2051	100.2156	101.2944	132.5303	435.4632	371.4621	218.6608	360.0057
P20290	BTF3_HUMAN	BTF3	Transcription factor BTF3	4	2.785	2.86E-02	165.9207	462.1649	226.414	123.6073	104.3181	209.3435	454.7995	573.1399	295.9214	524.7989
P61970	NTF2_HUMAN	NUTF2	Nuclear transport factor 2	1	2.805	2.86E-02	11.6032	32.54345	10.46326	20.35559	0	15.59395	38.02897	28.68227	33.45212	30.01042
Q99729	ROAA_HUMAN	HNRNPAB	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A/B	4	2.808	2.86E-02	108.7049	305.2743	109.0628	68.23486	80.11061	177.4115	263.4896	308.5574	344.679	304.3711
P22102	PUR2_HUMAN	GART	Trifunctional purine biosynthetic protein adenosine-3	18	2.816	2.86E-02	466.7552	1314.403	503.3401	442.5464	304.5679	616.5666	1458.873	1343.963	1135.554	1319.22
P49327	FAS_HUMAN	FASN	Fatty acid synthase	58	2.817	2.86E-02	2780.875	7834.628	2596.335	1508.015	1769.76	5249.39	9549.254	9954.085	5778.663	6056.511
P49189	AL9A1_HUMAN	ALDH9A1	4-trimethylaminobutyraldehyde dehydrogenase	5	2.831	2.86E-02	77.71377	219.9824	87.97516	82.26092	82.14717	58.47182	272.2312	187.0988	257.0009	163.5989
Q8I2P2	ST134_HUMAN	ST13P4	Putative protein FAM10A4	4	2.849	2.86E-02	395.5602	1126.916	419.8192	392.9823	390.4147	379.0248	1125.388	1133.019	1105.906	1143.35
Q9UQ80	PA2G4_HUMAN	PA2G4	Proliferation-associated protein 2G4	12	2.850	2.86E-02	330.8229	942.8654	308.9658	344.045	340.7013	329.5794	772.0882	1370.538	718.8112	910.0243
P62826	RAN_HUMAN	RAN	GTP-binding nuclear protein Ran	8	2.851	2.86E-02	1107.804	3158.307	1023.901	1112.205	927.026	1368.085	3219.029	3270.518	3260.483	2883.198
Q7L2H7	EIF3M_HUMAN	EIF3M	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M	4	2.867	2.86E-02	68.98837	197.7631	93.66995	65.21369	60.86557	56.20428	158.7643	272.6599	161.3339	198.294
P28072	PSB6_HUMAN	PSMB6	Proteasome subunit beta type-6	2	2.871	2.86E-02	82.89578	237.9738	108.5795	75.62123	60.05628	87.32614	274.3055	230.5285	213.4902	233.571
P38159	RBMX_HUMAN	RBMX	RNA-binding motif protein, X chromosome	4	2.871	2.86E-02	364.0633	1045.249	367.0599	328.2281	358.7547	402.2105	1000.406	931.2322	1144.156	1105.202
P63220	RS21_HUMAN	RPS21	40S ribosomal protein S21	2	2.880	2.86E-02	19.08781	54.96359	21.66757	18.29935	16.54149	19.84285	34.70981	62.44885	61.78714	60.90854
Q92526	TCPW_HUMAN	CCT6B	T-complex protein 1 subunit zeta-2	1	2.880	2.86E-02	125.5233	361.5402	130.8109	112.9666	118.8141	139.5017	396.1786	369.2817	272.505	408.1954
Q14498	RBM39_HUMAN	RBM39	RNA-binding protein 39	3	2.883	2.86E-02	52.24294	150.6259	50.94698	38.80427	48.6551	70.56539	209.5616	112.8658	79.22348	200.8527
Q58FF7	H90B3_HUMAN	HSP90AB3P	Putative heat shock protein HSP 90-beta-3	7	2.907	2.86E-02	1879.716	5464.194	2644.853	1473.069	1279.804	2121.137	5932.581	5433.773	4191.368	6299.055

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9NTK5	OLA1_HUMAN	OLA1	Obg-like ATPase 1	9	2.907	2.86E-02	192.0365	558.2514	219.9701	143.3817	239.1461	165.6481	524.3605	549.6823	616.3133	542.6492
P26368	U2AF2_HUMAN	U2AF2	Splicing factor U2AF 65 kDa subunit	7	2.922	2.86E-02	239.01	698.2906	284.2398	193.1713	239.6159	239.0131	675.9405	697.877	661.0353	758.3095
PS1970	NDUA8_HUMAN	NDUFA8	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 8	2	2.923	2.86E-02	27.99894	81.83227	27.91008	35.25468	28.59188	20.23912	67.47054	86.93879	79.002	93.91776
P11142	HSP7C_HUMAN	HSPA8	Heat shock cognate 71 kDa protein	33	2.932	2.86E-02	9221.199	27038.53	11046.24	8465.88	8198.89	9173.783	33103.12	30595.05	16278.21	28177.73
P22234	PUR6_HUMAN	PAICS	Multifunctional protein ADE2	19	2.934	2.86E-02	692.8799	2032.692	669.2057	627.4391	695.3028	779.5722	1924.856	2148.493	1046.117	2011.301
Q9UNM6	PSD13_HUMAN	PSMD13	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 13	6	2.940	2.86E-02	128.1905	376.8986	143.1429	138.928	93.36159	137.3295	381.9796	417.6273	310.952	397.0357
P22087	FBRL_HUMAN	FBL	rRNA 2-O-methyltransferase fibrillarin	5	2.948	2.86E-02	70.06462	206.5834	55.92738	85.05234	86.93584	52.34292	225.5683	215.4688	137.6998	247.5968
Q53H12	AGK_HUMAN	AGK	Acylglycerol kinase, mitochondrial	3	2.950	2.86E-02	40.34587	119.0056	0	63.60546	56.29442	41.48358	106.4623	108.9609	153.1695	107.4298
Q32CQ8	TIM50_HUMAN	TIMM50	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM50	6	2.957	2.86E-02	101.515	300.201	145.1244	71.63512	90.87147	98.42903	237.2123	321.2483	295.2353	347.1078
Q9H074	PAIP1_HUMAN	PAIP1	Polyadenylate-binding protein-interacting protein 1	1	2.960	2.86E-02	20.76396	61.46127	0	26.55875	24.00295	32.49413	54.77627	42.68643	75.3742	73.00819
P24534	EF1B_HUMAN	EEF1B2	Elongation factor 1-beta	4	2.983	2.86E-02	498.4135	1486.775	530.4769	501.8326	480.3168	481.0276	1351.37	1945.022	1203.894	1446.811
Q94EP5	DAZP1_HUMAN	DAZAP1	DAZ-associated protein 1	4	3.006	2.86E-02	152.715	459.095	160.1709	173.1144	146.072	131.5029	492.4209	400.9174	473.7141	469.3277
O00483	NDUA4_HUMAN	NDUFA4	Cytochrome c oxidase subunit NDUFA4	1	3.009	2.86E-02	25.06979	75.42746	28.73168	41.15918	30.38832	0	97.75705	69.17838	63.45211	71.3223
P17812	PYRG1_HUMAN	CTPS1	CTP synthase 1	7	3.011	2.86E-02	59.19986	178.2682	58.75214	22.18207	36.84483	119.0204	197.1703	160.4582	165.8706	189.5736
P50991	TCPD_HUMAN	CCT4	T-complex protein 1 subunit delta	14	3.015	2.86E-02	1024.758	3089.412	1264.436	871.9588	987.1178	975.521	3495.976	3249.273	2473.471	3138.927
P55735	SEC13_HUMAN	SEC13	Protein SEC13 homolog	5	3.028	2.86E-02	95.00335	287.6265	64.37443	157.0091	90.64025	67.98964	272.8209	294.5829	335.9494	247.1527
P00390	GSHR_HUMAN	GSR	Glutathione reductase, mitochondrial	4	3.038	2.86E-02	122.6565	372.5993	83.35973	155.1596	154.3161	97.7906	405.5201	359.8267	393.1083	331.9422
P35998	PRS7_HUMAN	PSMC2	26S protease regulatory subunit 7	10	3.042	2.86E-02	175.4637	533.8048	153.6545	68.82072	251.2528	228.1267	690.0995	414.8621	458.3068	571.951
Q9Y266	NUDC_HUMAN	NUDC	Nuclear migration protein nudC	5	3.045	2.86E-02	194.5181	592.3102	283.2088	145.4528	145.2805	204.1304	647.0011	628.2795	430.2073	663.7526
P09960	LKHA4_HUMAN	LTA4H	Leukotriene A-4 hydrolase	13	3.047	2.86E-02	314.2735	957.554	396.8387	236.0995	316.227	307.9286	1023.429	884.7895	933.108	988.8892
Q98VA1	TBB2B_HUMAN	TUBB2B	Tubulin beta-2B chain	5	3.061	2.86E-02	243.7953	746.1743	255.8223	263.0718	220.2864	236.0007	634.5422	731.8438	812.5429	805.7682
P47897	SYQ_HUMAN	QARS	Glutamine-tRNA ligase	8	3.064	2.86E-02	99.59906	305.1706	110.561	67.17573	100.8319	119.8276	314.6606	367.25	353.5996	185.1724
E9PAV3	NACAM_HUMAN	NACA	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form	4	3.067	2.86E-02	519.8382	1594.316	667.0067	410.4315	411.4651	590.4494	1692.035	1653.839	1191.675	1839.714
P54727	RD23B_HUMAN	RAD23B	UV excision repair protein RAD23 homolog B	4	3.073	2.86E-02	34.88379	107.2048	70.10143	0	26.01283	43.4209	133.8201	98.2779	96.20922	100.5121
Q12800	TFCP2_HUMAN	TFCP2	Alpha-globin transcription factor CP2	3	3.086	2.86E-02	14.85253	45.8292	24.85729	0	17.90216	16.65067	53.53107	38.53573	52.68327	38.56671
Q93096	TP4A1_HUMAN	PTP4A1	Protein tyrosine phosphatase type IVA 1	1	3.091	2.86E-02	6.970885	21.54549	0	8.53625	8.846139	10.50115	26.91349	21.13013	20.056	18.08234
Q99832	TCPH_HUMAN	CCT7	T-complex protein 1 subunit eta	17	3.113	2.86E-02	872.956	2717.452	846.7348	830.2597	879.6693	935.1602	2844.495	2965.425	2328.581	2731.306
Q13200	PSMD2_HUMAN	PSMD2	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 2	22	3.115	2.86E-02	455.6589	1419.564	501.1411	348.8364	462.6148	510.0434	1526.441	1519.578	1084.819	1547.417
P34932	HSP74_HUMAN	HSPA4	Heat shock 70 kDa protein 4	19	3.119	2.86E-02	933.4562	2911.46	922.2249	692.423	920.0092	1199.168	2820.644	2847.644	3072.791	2904.759
P23396	RS3_HUMAN	RPS3	40S ribosomal protein S3	13	3.128	2.86E-02	798.4602	2497.276	742.9399	629.1852	722.6319	1099.084	2197.342	2853.816	2518.089	2419.856
Q9Y30	RTCB_HUMAN	RTCB	tRNA-splicing ligase RtcB homolog	4	3.166	2.86E-02	107.4175	340.1106	146.8642	113.356	80.79539	88.65438	325.2644	335.0791	364.3226	335.7765
P38919	IF4A3_HUMAN	EIF4A3	Eukaryotic initiation factor 4A-III	6	3.168	2.86E-02	105.6722	334.7229	96.94398	98.97501	137.0631	89.70669	424.3612	292.2668	277.7137	344.5499
P43243	MATR3_HUMAN	MATR3	Matrin-3	12	3.171	2.86E-02	584.503	1853.724	793.178	531.5886	532.5648	480.6805	1965.021	1711.233	1893.864	1844.779

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q86X55	CARM1_HUMAN	CARM1	Histone-arginine methyltransferase CARM1	2	3.187	2.86E-02	24.61609	78.44968	40.99923	20.83805	0	36.62708	94.88897	75.41236	58.43429	85.06309
P31939	PUR9_HUMAN	ATIC	Bifunctional purine biosynthesis protein PURH	23	3.206	2.86E-02	818.7161	2624.699	717.2046	743.5877	491.0874	1122.985	2719.211	2532.672	2506.259	2740.655
P04040	CATA_HUMAN	CAT	Catalase	3	3.220	2.86E-02	29.70187	95.62709	48.3211	70.48638	0	0	126.9832	72.91976	93.87215	88.73327
P52272	HNRPM_HUMAN	HNRNPM	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein M	12	3.224	2.86E-02	866.1014	2792.472	766.4198	906.352	860.1723	931.4617	3117.23	2578.411	2624.29	2849.957
P12268	IMDH2_HUMAN	IMPDH2	Inosine-5-monophosphate dehydrogenase 2	14	3.229	2.86E-02	706.9824	2283.028	829.0996	744.7824	568.6181	685.4295	2315.621	2483.847	1687.718	2644.927
Q02790	FKBP4_HUMAN	FKBP4	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP4	12	3.248	2.86E-02	392.5377	1274.789	439.0623	312.4904	295.3456	523.2524	1142.778	1301.69	1127.902	1526.787
Q8N684	CPSF7_HUMAN	CPSF7	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 7	2	3.258	2.86E-02	9.942748	32.3953	11.80842	6.242226	8.291199	13.42915	38.05254	16.63056	42.73929	32.15882
P12956	XRCC6_HUMAN	XRCC6	X-ray repair cross-complementing protein 6	22	3.264	2.86E-02	887.1301	2895.662	571.7306	1046.683	885.3343	1044.773	2800.587	3021.628	3545.36	2215.072
Q9Y383	LC7L2_HUMAN	LUC7L2	Putative RNA-binding protein Luc7-like 2	4	3.270	2.86E-02	26.07936	85.27831	28.33458	29.40762	25.56816	21.00707	94.78758	52.50817	105.8637	87.95373
P10515	ODP2_HUMAN	DLAT	Dihydropyridine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial	5	3.272	2.86E-02	102.729	336.0983	73.1059	152.2648	121.7311	63.81413	204.0174	186.1572	507.739	446.4794
P63279	UBC9_HUMAN	UBE2I	SUMO-conjugating enzyme UBC9	5	3.324	2.86E-02	96.98593	322.3399	114.9912	58.58549	125.4485	88.91856	315.1857	299.1717	326.3873	348.6147
Q96CB8	INT12_HUMAN	INTS12	Integrator complex subunit 12	1	3.345	2.86E-02	1.825394	6.106279	2.018548	0	2.200196	3.082833	8.294221	6.185419	5.595211	4.348266
P14866	HNRPL_HUMAN	HNRNPL	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L	11	3.358	2.86E-02	636.3542	2137.115	710.7736	609.2891	649.3157	576.0384	1786.735	2069.324	2659.54	2032.862
P52209	PGD_HUMAN	PGD	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating	6	3.373	2.86E-02	164.8656	556.0969	217.9806	127.7623	152.3862	161.3332	485.1295	668.9192	657.5633	412.7757
O75251	NDU57_HUMAN	NDU57	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 7, mitochondrial	2	3.384	2.86E-02	8.574892	29.01328	7.364557	5.634545	8.48774	12.81273	32.85162	26.92803	30.65681	25.61665
Q9NTZ6	RBM12_HUMAN	RBM12	RNA-binding protein 12	4	3.395	2.86E-02	28.85347	97.96061	39.40437	39.21781	18.26975	18.52195	125.7511	84.25292	116.6853	65.15312
Q01469	FABP5_HUMAN	FABP5	Fatty acid-binding protein, epidermal	7	3.426	2.86E-02	198.3467	679.6251	272.2864	135.1062	71.29738	314.697	670.777	590.2065	633.7038	823.8132
P23258	TUBG1_HUMAN	TUBG1	Tubulin gamma-1 chain	4	3.430	2.86E-02	26.96706	92.49083	0	37.79338	34.21242	35.86242	89.66786	134.2338	72.77746	73.2842
A0AVT1	UBA6_HUMAN	UBA6	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 6	5	3.440	2.86E-02	25.84618	88.90742	31.18841	14.57745	25.75581	31.86303	76.83691	47.7202	129.8294	101.2432
Q9H4A4	AMPB_HUMAN	RNPEP	Aminopeptidase B	10	3.441	2.86E-02	89.50909	307.9604	63.7381	75.90841	99.79142	118.5984	391.4322	265.3258	352.6373	222.4461
P46777	RL5_HUMAN	RPL5	60S ribosomal protein L5	2	3.483	2.86E-02	148.403	516.8691	163.1109	112.6564	150.0829	167.7616	620.6765	623.0019	404.7859	419.012
P40222	TXLNA_HUMAN	TXLNA	Alpha-taxilin	1	3.486	2.86E-02	7.453665	25.98421	11.22847	6.622458	7.303156	4.660574	21.3894	25.44139	19.31516	37.7909
Q07666	KHDR1_HUMAN	KHDRBS1	KH domain-containing, RNA-binding, signal transduction-associated protein 1	2	3.531	2.86E-02	103.9519	367.0334	183.5702	130.8984	101.3389	0	212.0005	378.2016	512.0924	365.8392
Q13310	PABP4_HUMAN	PABPC4	Polyadenylate-binding protein 4	12	3.542	2.86E-02	339.9193	1203.831	394.2144	199.4778	343.0402	422.9447	1179.73	1418.127	952.6217	1264.846
Q9Y570	PPME1_HUMAN	PPME1	Protein phosphatase methyltransferase 1	3	3.557	2.86E-02	30.32449	107.854	28.47392	28.75284	40.25096	23.82022	110.7947	101.6466	86.31106	132.6635
P08238	HSP90B_HUMAN	HSP90AB1	Heat shock protein HSP 90-beta	16	3.559	2.86E-02	2580.394	9184.047	3594.948	1728.622	1919.804	3078.202	8124.68	9084.808	7728.466	11798.23
P82650	RT22_HUMAN	MRFPS22	28S ribosomal protein S22, mitochondrial	2	3.588	2.86E-02	15.90482	57.06966	0	28.9711	34.64819	0	77.37753	69.45589	41.99081	39.45441
O00571	DDX3X_HUMAN	DDX3X	ATP-dependent RNA helicase DDX3X	14	3.615	2.86E-02	406.4189	1469.354	512.8689	236.0995	303.9356	572.7714	1631.703	1557.741	1153.388	1534.584
P63151	2ABA_HUMAN	PPP2R2A	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B alpha isoform	4	3.626	2.86E-02	40.03981	145.1987	25.9447	62.2982	29.38338	42.53297	115.0463	122.7768	182.5508	160.4211
Q9NYF8	BCLF1_HUMAN	BCLAF1	Bcl-2-associated transcription factor 1	2	3.632	2.86E-02	21.66566	78.69634	30.12517	16.57625	18.95157	21.00964	57.46256	101.4583	75.05342	80.81105
P15880	RS2_HUMAN	RPS2	40S ribosomal protein S2	5	3.642	2.86E-02	385.796	1404.962	306.8096	343.9083	364.1796	528.2864	1607.362	1391.09	1089.18	1532.217
Q9UHX1	PUF60_HUMAN	PUF60	Poly(U)-binding-splicing factor PUF60	7	3.646	2.86E-02	151.4446	552.1648	211.734	58.36723	168.323	167.3543	583.341	466.8946	488.9967	669.427
Q14558	KPRA_HUMAN	PRPSAP1	Phosphoribosyl pyrophosphate synthase-associated protein 1	2	3.651	2.86E-02	10.11695	36.93557	0	25.18027	15.28754	0	37.41631	33.6972	44.02238	32.6064

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q00839	HNRPU_HUMAN	HNRNPU	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U	17	3.661	2.86E-02	824.1259	3016.739	728.1753	674.4683	763.1407	1130.719	2099.712	2158.196	4676.775	3132.272
O43169	CYB5B_HUMAN	CYB5B	Cytochrome b5 type B	2	3.662	2.86E-02	46.96657	172.0092	66.75061	64.69676	56.41893	0	188.1722	177.1482	159.3635	163.3528
Q13185	CBX3_HUMAN	CBX3	Chromobox protein homolog 3	2	3.670	2.86E-02	37.53876	137.7799	55.53019	35.18575	28.57409	30.86502	103.4447	124.3922	158.1262	164.9566
P36578	RL4_HUMAN	RPL4	60S ribosomal protein L4	9	3.682	2.86E-02	217.9646	802.5635	439.022	81.43383	203.0957	148.3069	1068.248	834.2937	569.9213	737.791
P24752	THIL_HUMAN	ACAT1	Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial	8	3.684	2.86E-02	175.698	647.3397	117.7781	246.0476	220.1441	118.8223	631.349	497.1026	878.4649	582.4423
P54920	SNAH_HUMAN	NAPA	Alpha-soluble NSF attachment protein	3	3.690	2.86E-02	23.561	86.94266	25.11505	44.27225	24.8567	0	80.53848	65.37258	99.98977	101.8698
Q9BXP5	SRRT_HUMAN	SRRT	Serrate RNA effector molecule homolog	5	3.691	2.86E-02	49.11478	181.2603	51.28797	46.63864	56.4545	42.07799	164.965	194.6113	196.7412	168.7237
Q98ZE1	RM37_HUMAN	MRPL37	39S ribosomal protein L37, mitochondrial	4	3.706	2.86E-02	26.63799	98.71037	0	44.09994	46.35174	16.1003	110.8654	90.04091	124.5748	69.3604
P50897	PPT1_HUMAN	PPT1	Palmitoyl-protein thioesterase 1	2	3.716	2.86E-02	29.68637	110.3042	27.64427	43.08905	26.51085	21.50131	72.03523	105.5317	131.7769	131.8728
Q01844	EWS_HUMAN	EWSR1	RNA-binding protein EWS	2	3.724	2.86E-02	45.05758	167.7842	15.49755	52.86479	54.24008	57.62791	153.4018	135.998	196.8405	184.8964
Q13151	ROA0_HUMAN	HNRNPA0	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A0	4	3.733	2.86E-02	178.9353	667.9685	224.8997	142.9371	161.2173	186.6871	591.8826	449.0747	897.1928	733.9237
O96019	ACTL6A_HUMAN	ACTL6A	Actin-like protein 6A	3	3.746	2.86E-02	51.50795	192.9675	64.65635	53.38172	44.69759	43.29615	148.5544	228.3382	167.9785	226.999
Q9HB71	CYBP_HUMAN	CACYBP	Calycylin-binding protein	8	3.747	2.86E-02	316.2137	1184.888	455.9614	223.5438	172.7518	412.5977	1204.351	1122.315	1053.444	1359.443
P10809	CH60_HUMAN	HSPD1	60 kDa heat shock protein, mitochondrial	39	3.791	2.86E-02	4921.226	18658.39	2903.322	6299.17	6291.226	4191.188	16934.46	17879.53	19998.48	19821.1
O43488	ARK72_HUMAN	AKR7A2	Aflatoxin B1 aldehyde reductase member 2	2	3.835	2.86E-02	34.28202	131.4818	25.77555	48.70407	36.60471	26.04374	110.4412	98.86165	190.2494	126.375
Q9NSE4	SIIM_HUMAN	IARS2	Isoleucine-tRNA ligase, mitochondrial	7	3.839	2.86E-02	63.92279	245.3759	16.21443	65.07584	119.8991	54.50178	196.3412	217.0873	366.3198	201.7551
Q04760	LGUL_HUMAN	GLO1	Lactoylglutathione lyase	4	3.843	2.86E-02	81.6402	313.7631	65.21213	71.15954	61.32802	128.8611	239.9188	307.7744	385.5472	321.8119
P49591	SYS3_HUMAN	SARS	Serine-tRNA ligase, cytoplasmic	6	3.953	2.86E-02	86.92403	343.5902	76.45672	44.20332	127.1027	99.93339	294.0892	329.5091	374.1368	376.6259
Q5JWF2	GNAS1_HUMAN	GNAS	Guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha isoforms XLas	5	3.959	2.86E-02	37.64162	149.0216	6.281179	51.91134	52.21864	40.15535	185.0305	108.0844	154.5977	148.3737
P62314	SMD1_HUMAN	SNRPD1	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D1	2	4.024	2.86E-02	27.24159	109.6087	18.5745	31.85327	13.98023	44.55835	136.971	134.0257	97.32429	70.11383
Q9Y224	CN166_HUMAN	C14orf166	UPF0568 protein C14orf166	3	4.036	2.86E-02	18.12885	73.16411	0	28.23591	0	44.27949	75.83241	66.82949	72.84619	77.14833
Q5VTE0	EF1A3_HUMAN	EEF1A1P5	Putative elongation factor 1-alpha-like 3	17	4.042	2.86E-02	3357.543	13570.57	3615.238	2277.05	2487.592	5050.291	12463.13	16619.43	11526.19	13673.52
Q08257	QOR_HUMAN	CRY2	Quinone oxidoreductase	7	4.059	2.86E-02	110.6933	449.3562	49.59376	205.4972	104.407	83.27538	468.2341	450.1253	530.6896	348.376
P28074	PSB5_HUMAN	PSMB5	Proteasome subunit beta type-5	4	4.071	2.86E-02	54.90729	223.507	75.24849	29.33869	27.64029	87.40168	217.4994	210.6046	210.1855	255.7384
Q9HC38	GLOD4_HUMAN	GLOD4	Glyoxalase domain-containing protein 4	1	4.079	2.86E-02	29.26072	119.3513	0	49.33817	42.90115	24.80356	133.4061	93.78725	125.56	124.6518
Q9Y230	RUVB2_HUMAN	RUVBL2	RuvB-like 2	13	4.110	2.86E-02	379.9741	1561.873	538.0243	332.6622	346.4819	302.7282	1539.571	1431.378	1514.64	1761.902
Q96G03	PGM2_HUMAN	PGM2	Phosphoglucomutase-2	5	4.127	2.86E-02	41.10204	169.6223	39.75073	10.84751	107.2796	6.530381	208.0973	124.2	160.0753	186.1168
P55209	NP1L1_HUMAN	NAP1L1	Nucleosome assembly protein 1-like 1	7	4.127	2.86E-02	205.0751	846.3597	358.6877	153.046	46.23613	262.3307	869.0481	774.1735	767.0541	975.1633
P62424	RL7A_HUMAN	RPL7A	60S ribosomal protein L7a	7	4.161	2.86E-02	141.4735	588.695	207.436	29.43863	210.4415	118.5779	927.4195	558.7096	299.3481	569.3028
Q66K74	MAP1S_HUMAN	MAP1S	Microtubule-associated protein 1S	2	4.164	2.86E-02	4.846134	20.18079	10.13301	0	5.318178	3.933345	19.05657	19.51465	25.19602	16.95592
P11940	PABP1_HUMAN	PABPC1	Polyadenylate-binding protein 1	8	4.189	2.86E-02	351.9733	1474.572	389.6054	308.309	278.7419	431.237	1688.844	1550.775	1090.249	1568.419
Q08J23	NSUN2_HUMAN	NSUN2	tRNA [cytosine(34)-C(5)]-methyltransferase	7	4.198	2.86E-02	61.44249	257.9454	65.29268	57.45973	58.45549	64.56205	241.3791	290.6275	258.2074	241.5678
P48556	PSMD8_HUMAN	PSMD8	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 8	2	4.245	2.86E-02	38.65294	164.0642	60.71752	63.24935	0	30.64487	178.4369	155.0666	149.0911	173.6621

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O75131	CPNE3_HUMAN	CPNE3	Caprine-3	7	4.268	2.86E-02	111.9783	477.9158	146.9367	61.17014	99.65891	140.1474	652.6495	442.1668	467.6652	349.1816
Q9HCC0	MCCB_HUMAN	MCCC2	Methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial	6	4.293	2.86E-02	41.4946	178.1433	12.16284	88.44111	65.37446	0	189.7376	152.7177	215.2468	154.8711
Q58FG0	HS905_HUMAN	HSP90AA5P	Putative heat shock protein HSP 90-alpha A5	5	4.305	2.86E-02	228.9084	985.436	288.5444	218.3665	196.6089	212.1137	934.7295	1094.296	692.9454	1219.773
Q13263	TIF1B_HUMAN	TRIM28	Transcription intermediary factor 1-beta	20	4.306	2.86E-02	491.9802	2118.547	609.2641	512.1405	474.6607	371.8552	2072.43	1986.916	2246.462	2168.381
Q9P258	RCC2_HUMAN	RCC2	Protein RCC2	9	4.339	2.86E-02	136.942	594.1501	183.0144	80.52633	162.4623	121.7649	638.9049	538.6003	796.6182	402.477
Q8TA6	NPL4_HUMAN	NPLOC4	Nuclear protein localization protein 4 homolog	2	4.366	2.86E-02	8.011725	34.98006	10.39882	0	0	21.64808	35.6995	24.22532	44.44244	35.55298
O00425	IF2B3_HUMAN	IGF2BP3	Insulin-like growth factor 2 mRNA-binding protein 3	13	4.384	2.86E-02	163.0587	714.7694	135.4666	193.5159	189.8269	133.4255	589.9908	716.7017	845.4758	706.9095
Q96C36	P5CR2_HUMAN	PYCR2	Pyroline-5-carboxylate reductase 2	2	4.400	2.86E-02	18.2348	80.23695	0	37.16158	35.77764	0	94.6466	63.91567	86.32633	76.05922
P31930	QCR1_HUMAN	UQCRC1	Cytochrome b-c1 complex subunit 1, mitochondrial	10	4.401	2.86E-02	197.3534	868.5185	94.33045	280.8542	211.2597	202.9691	721.7955	814.7819	1044.171	893.3263
Q13347	EIF3L_HUMAN	EIF3I	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I	5	4.413	2.86E-02	90.95369	401.368	119.2683	88.83168	78.79441	76.92039	385.2315	381.492	352.5991	486.1494
Q14444	CAPR1_HUMAN	CAPRIN1	Caprin-1	4	4.438	2.86E-02	46.51691	206.4632	102.4506	27.46396	4.108692	52.04442	212.1601	220.1419	143.5463	250.0048
P55327	TPD52_HUMAN	IPD52	Tumor protein D52	3	4.450	2.86E-02	22.41055	99.73625	37.48731	43.91614	8.238729	0	151.4446	68.26657	84.32531	94.70849
P13010	XRCC5_HUMAN	XRCC5	X-ray repair cross-complementing protein 5	20	4.475	2.86E-02	481.2964	2153.945	434.3582	492.1526	654.1181	344.5567	2169.763	2256.023	2538.998	1651.075
Q9PUM4	PRP19_HUMAN	PRPF19	Pre-mRNA-processing factor 19	9	4.482	2.86E-02	230.7043	1033.985	195.1773	237.6618	202.1174	287.8607	1069.723	1033.355	988.4873	1044.374
P60842	IF4A1_HUMAN	EIF4A1	Eukaryotic initiation factor 4A-I	12	4.506	2.86E-02	939.416	4233.344	1097.088	926.0757	776.863	957.6375	4925.804	4901.794	2542.934	4562.844
Q2VIR3	IF2G_L_HUMAN	EIF23L	Putative eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3-like protein	7	4.536	2.86E-02	196.5682	891.6889	159.462	188.5442	166.7044	271.5623	851.1226	1045.367	754.4675	915.7989
Q8NC51	PAI8B_HUMAN	SERP1	Plasminogen activator inhibitor 1 RNA-binding protein	1	4.574	2.86E-02	3.00075	13.72595	5.812386	0	0	6.190614	11.16935	13.89514	14.76323	15.07608
O95373	IPO7_HUMAN	IPO7	Importin-7	11	4.575	2.86E-02	118.2836	541.1484	218.3549	34.52753	54.22229	166.0297	449.9349	611.297	543.5664	559.7954
Q99436	PSB7_HUMAN	PSMB7	Proteasome subunit beta type-7	3	4.600	2.86E-02	30.50917	140.3425	38.03504	53.69188	19.99208	10.31769	166.3839	145.7503	110.5745	138.6611
P61081	UBC12_HUMAN	UBE2M	NEDD8-conjugating enzyme Ubc12	3	4.632	2.86E-02	80.81082	374.3008	111.6081	70.15325	99.33787	42.14403	439.8259	365.8327	322.4082	369.1364
Q5T2N8	ATD3C_HUMAN	ATAD3C	ATPase family AAA domain-containing protein 3C	4	4.649	2.86E-02	47.0446	218.7337	32.37248	52.64653	60.12742	43.03197	242.8576	186.514	203.6073	241.9557
Q99460	PSMD1_HUMAN	PSMD1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 1	9	4.680	2.86E-02	75.1438	351.6849	83.00532	65.84549	66.54837	85.17601	359.032	336.4884	371.6011	339.6183
Q9HB07	MYG1_HUMAN	C12orf10	UPF0160 protein MYG1, mitochondrial	4	4.719	2.86E-02	42.99362	202.8855	38.64721	27.85453	32.97003	72.50271	232.4053	202.8473	194.5187	181.7708
P82933	RT09_HUMAN	MRPS9	28S ribosomal protein S9, mitochondrial	1	4.748	2.86E-02	5.085463	24.14734	0	0	0	20.34185	26.18637	24.62869	23.46231	22.312
O75351	VPS4B_HUMAN	VPS4B	Vacuolar protein sorting-associated protein 4B	6	4.751	2.86E-02	55.83641	265.3057	93.29137	33.24439	31.0731	65.73677	313.2265	243.492	241.8329	262.6714
P06748	NPM_HUMAN	NPM1	Nucleophosmin	11	4.769	2.86E-02	318.8632	1520.504	491.3858	284.8162	112.2213	387.0294	1080.4	1522.261	1559.319	1920.034
Q5RKV6	EXOSC6_HUMAN	EXOSC6	Exosome complex component MTR3	1	4.815	2.86E-02	4.57516	22.03081	18.30064	0	0	0	23.02542	18.71186	21.85844	24.52753
Q96826	EXOSC8_HUMAN	EXOSC8	Exosome complex component RRP43	3	4.824	2.86E-02	19.36589	93.41209	22.90802	24.71503	19.13388	10.70662	75.9031	95.27389	95.1858	107.2856
O43615	TIM44_HUMAN	TIMM44	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM44	3	4.865	2.86E-02	19.33736	94.08132	0	23.20445	33.63436	20.51064	96.74717	74.17349	113.2026	92.20203
P53004	BIEA_HUMAN	BLVRA	Biliverdin reductase A	3	4.866	2.86E-02	34.33144	167.0485	54.81331	56.98875	25.5237	0	177.2755	119.3872	210.588	160.9433
Q9Y5L0	TNPO3_HUMAN	TNPO3	Transportin-3	1	4.880	2.86E-02	1.967601	9.602371	7.870402	0	0	0	10.30085	8.791006	9.164965	10.15267
O76094	SRP72_HUMAN	SRP72	Signal recognition particle subunit SRP72	7	4.898	2.86E-02	29.0939	142.495	39.43659	8.031956	31.26875	37.6383	115.2968	99.49595	212.3858	142.8015
P21281	VATB2_HUMAN	ATP6V1B2	V-type proton ATPase subunit B, brain isoform	3	4.904	2.86E-02	43.42601	212.9659	43.31097	48.132	47.54344	34.71764	244.0594	196.306	206.9678	204.5304

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q92945	FUBP2_HUMAN	KHSRP	Far upstream element-binding protein 2	9	4.931	2.86E-02	256.7841	1266.219	390.5801	214.1931	240.732	181.631	1302.128	1254.785	1256.013	1251.951
A6NHQ2	FBLL1_HUMAN	FBLL1	rRNA/RNA 2-O-methyltransferase fibrillarin-like protein 1	2	4.931	2.86E-02	75.46061	372.1013	59.48513	80.20468	94.71337	67.43926	398.8043	400.6994	320.3919	368.5097
P42704	LPPRC_HUMAN	LRPPRC	Leucine-rich PPR motif-containing protein, mitochondrial	34	4.972	2.86E-02	713.0106	3544.985	619.7891	722.6945	892.4347	617.1243	3709.448	3652.404	3323.924	3494.162
Q12931	TRAP1_HUMAN	TRAP1	Heat shock protein 75 kDa, mitochondrial	11	4.989	2.86E-02	252.4762	1259.647	205.6003	286.954	290.3832	226.9672	1298.29	1278.393	1426.886	1035.02
Q9P2J5	SYLC_HUMAN	LARS	Leucine-tRNA ligase, cytoplasmic	11	5.004	2.86E-02	100.4628	502.7213	34.94614	31.33749	76.52662	259.0211	310.3887	573.913	664.2232	462.3604
P14854	CX6B1_HUMAN	COX6B1	Cytochrome c oxidase subunit 6B1	1	5.034	2.86E-02	9.921456	49.94535	0	18.44868	21.23714	0	46.99004	45.16417	59.22858	48.39861
Q519A4	ATD3B_HUMAN	ATAD3B	ATPase family AAA domain-containing protein 3B	2	5.046	2.86E-02	12.02195	60.66002	7.710111	25.91546	14.46224	0	47.64646	64.45086	60.48113	70.06161
Q2NXK8	ERC4L_HUMAN	ERCC4L	DNA excision repair protein ERCC-4-like	1	5.061	2.86E-02	1.072625	5.429088	2.084597	0	0	2.205902	5.030247	6.816746	5.5196	4.349758
Q9BQA1	MEP50_HUMAN	WDR77	Methylosome protein 50	3	5.134	2.86E-02	31.58016	162.1192	31.80864	32.16458	30.30828	32.03915	163.329	148.0992	166.0844	170.9641
Q9N2T2	OGFR_HUMAN	OGFR	Opioid growth factor receptor	2	5.172	2.86E-02	5.687206	29.41685	0	0	0	22.74883	33.1455	26.4751	34.41444	23.63237
Q53159	H1BP3_HUMAN	HS1BP3	HCLS1-binding protein 3	2	5.209	2.86E-02	6.287143	32.75237	0	5.145184	15.19238	4.81101	36.79624	25.25407	36.6064	32.35277
P22695	QCRC2_HUMAN	UQCRC2	Cytochrome b-c1 complex subunit 2, mitochondrial	8	5.233	2.86E-02	189.4499	991.4841	187.4124	188.3236	187.1501	194.9134	999.2023	876.5535	1046.85	1043.33
O43684	BUB3_HUMAN	BUB3	Mitotic checkpoint protein BUB3	7	5.236	2.86E-02	75.497	395.284	101.3301	77.84977	63.67584	59.13227	427.3639	427.1748	306.9958	419.6013
Q9BUJ2	HNR1L_HUMAN	HNRNPUL1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U-like protein 1	5	5.266	2.86E-02	37.35472	196.7005	18.03483	44.32969	48.72625	38.3281	156.7142	163.0647	316.3517	150.6712
P28331	NDU51_HUMAN	NDUFS1	NADH-ubiquinone oxidoreductase 75 kDa subunit, mitochondrial	9	5.289	2.86E-02	121.4565	642.4283	132.7199	215.8473	137.2588	0	784.359	592.0202	622.2858	571.0484
P09429	HMG1B_HUMAN	HMG1B	High mobility group protein B1	4	5.316	2.86E-02	78.14068	415.381	168.5076	50.41798	0	93.6371	247.695	436.7257	542.9554	434.1477
P12955	PEPD_HUMAN	PEPD	Xaa-Pro dipeptidase	5	5.317	2.86E-02	29.10614	154.7714	29.84325	7.7195	42.17457	36.68725	236.4953	66.86814	210.145	105.5773
Q16718	NDUA5_HUMAN	NDUFA5	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 5	2	5.327	2.86E-02	11.1757	59.53635	0	22.27397	22.42884	0	71.93424	27.68126	76.09212	62.43778
Q3MHD2	LSM12_HUMAN	LSM12	Protein LSM12 homolog	2	5.341	2.86E-02	27.57438	147.2799	46.0899	0	25.29247	38.91517	180.4466	174.274	64.09365	170.3052
P39023	RL3_HUMAN	RPL3	60S ribosomal protein L3	8	5.345	2.86E-02	74.48331	398.1147	109.7716	49.00504	65.93473	73.22187	201.0485	540.9095	272.0773	578.4036
Q9Y3D9	RT23_HUMAN	MRF23	28S ribosomal protein S23, mitochondrial	2	5.350	2.86E-02	9.481743	50.73084	0	22.45777	0	15.4692	59.53283	27.10643	53.93582	62.34827
Q13283	G3BP1_HUMAN	G3BP1	Ras GTPase-activating protein-binding protein 1	9	5.392	2.86E-02	136.4727	735.9116	207.1387	100.1008	66.97821	171.6729	630.8057	885.1958	442.2095	985.4353
Q9NRV9	HEBP1_HUMAN	HEBP1	Heme-binding protein 1	4	5.402	2.86E-02	28.14384	152.0232	3.402775	61.73187	47.44072	0	206.549	141.3465	118.1246	142.0727
Q86W42	THOC6_HUMAN	THOC6	THO complex subunit 6 homolog	3	5.403	2.86E-02	10.93763	59.09961	15.34451	17.02425	0	11.38175	64.61559	55.977	76.33652	39.46933
Q05639	EF1A2_HUMAN	EEF1A2	Elongation factor 1-alpha 2	11	5.408	2.86E-02	1283.691	6941.582	961.8782	683.8075	912.441	2576.638	4870.819	12420.1	7540.372	2935.042
Q92905	CSN5_HUMAN	COP55	COP9 signalosome complex subunit 5	3	5.417	2.86E-02	11.41469	61.83212	0	15.04843	16.96837	13.64196	94.40423	65.88299	56.9488	30.09248
P78330	SERB_HUMAN	PSPH	Phosphoserine phosphatase	1	5.436	2.86E-02	8.187609	44.51077	0	32.75044	0	0	62.67358	35.4118	40.89866	39.05905
P36551	HEM6_HUMAN	CPOX	Oxygen-dependent coproporphyrinogen-III oxidase, mitochondrial	4	5.440	2.86E-02	33.10755	180.0901	29.02971	39.71177	40.16202	23.52669	175.3265	154.6107	209.1521	181.271
O14979	HNRDL_HUMAN	HNRNPDL	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D-like	7	5.455	2.86E-02	94.40177	514.9338	129.9893	69.49847	85.13531	92.98399	452.5202	692.1109	310.2111	604.8931
Q14651	PLS1_HUMAN	PLS1	Plastin-1	2	5.464	2.86E-02	9.633612	52.64163	9.206703	10.3501	9.195645	9.781995	74.70133	24.7278	43.06006	68.07732
P49419	AL7A1_HUMAN	ALDH7A1	Alpha-aminoadipic semialdehyde dehydrogenase	14	5.485	2.86E-02	471.6496	2587.031	343.2497	739.682	599.0518	204.6147	2484.039	1897.982	4077.5	1888.602
Q08211	DHX9_HUMAN	DHX9	ATP-dependent RNA helicase A	10	5.501	2.86E-02	91.17493	501.5205	85.69564	15.22074	45.28455	218.4988	253.7381	714.3312	614.7858	423.2267
Q9Y5K5	UCHL5_HUMAN	UCHL5	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase isozyme L5	3	5.522	2.86E-02	19.1869	105.9471	21.82867	20.72318	17.70651	16.48923	107.6741	89.85261	106.7871	119.4747

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O60841	IF2P_HUMAN	EIF5B	Eukaryotic translation initiation factor 5B	5	5.523	2.86E-02	40.60575	224.2652	45.24414	26.53578	0	90.64306	139.324	359.7738	166.1226	231.8404
P11766	ADHX_HUMAN	ADH5	Alcohol dehydrogenase class-3	6	5.531	2.86E-02	105.9649	586.1268	121.1531	164.1887	94.17977	44.3382	482.4937	503.6047	782.161	576.2478
Q15785	TOM34_HUMAN	TOMM34	Mitochondrial import receptor subunit TOM34	7	5.565	2.86E-02	38.18865	212.5023	70.72971	0	31.25096	50.77391	159.8338	215.4847	200.5523	274.1384
Q15370	ELOB_HUMAN	TCEB2	Transcription elongation factor B polypeptide 2	1	5.600	2.86E-02	18.61783	104.2636	41.81277	32.65854	0	0	108.9668	96.47312	95.39201	116.2223
Q9GZT3	SLRP_HUMAN	SLRP	SRA stem-loop-interacting RNA-binding protein, mitochondrial	4	5.603	2.86E-02	89.00922	498.722	71.25328	69.40198	112.0286	103.3531	590.289	565.7463	458.9967	379.856
Q9BS07	NTPCR_HUMAN	NTPCR	Cancer-related nucleoside-triphosphatase	1	5.623	2.86E-02	1.433334	8.059276	0	5.733337	0	0	8.141708	6.601679	8.36303	9.130687
O60888	CUTA_HUMAN	CUTA	Protein CUTA	2	5.719	2.86E-02	22.35884	127.8713	52.17132	0	0	37.26404	144.1715	78.76821	160.1043	128.4413
P28070	PSB4_HUMAN	PSMB4	Proteasome subunit beta type-4	3	5.741	2.86E-02	19.23481	110.4258	26.62131	22.54967	0	27.76824	64.90543	115.1949	123.0091	138.594
Q9BPW8	NIP51_HUMAN	NIPSNAP1	Protein NipSnap homolog 1	4	5.812	2.86E-02	78.62634	456.9675	0	125.3117	169.4169	19.7768	355.0459	367.8843	734.2817	370.6581
Q9GZS3	WDR61_HUMAN	WDR61	WD repeat-containing protein 61	5	5.815	2.86E-02	26.23974	152.5921	22.13878	25.4732	7.505034	49.84194	151.1982	138.3231	171.0679	149.7791
P16435	NPCR_HUMAN	POR	NADPH-cytochrome P450 reductase	6	5.819	2.86E-02	51.28317	298.4063	0	87.15453	117.9782	0	358.0049	218.6849	316.1225	300.8129
Q02543	RL18A_HUMAN	RPL18A	60S ribosomal protein L18a	5	5.839	2.86E-02	29.31086	171.1532	49.1588	23.21594	21.75295	23.11574	246.2205	203.1941	112.2174	122.9808
P51589	CP2J2_HUMAN	CYP2J2	Cytochrome P450 2J2	1	5.886	2.86E-02	35.54097	209.1769	72.79176	69.37211	0	0	399.9152	141.0327	169.0936	126.6659
Q96AY3	FKB10_HUMAN	FKBP10	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP10	3	5.908	2.86E-02	21.79382	128.7637	56.72231	30.45297	0	0	158.118	132.6976	145.8375	78.40157
O00422	SAP18_HUMAN	SAP18	Histone deacetylase complex subunit SAP18	1	5.923	2.86E-02	5.838446	34.58004	0	23.35378	0	0	44.6168	32.34932	30.67972	30.67433
P49915	GUAA_HUMAN	GMP5	GMP synthase [glutamine-hydrolyzing]	13	5.932	2.86E-02	116.5075	691.1162	154.3875	106.4326	119.5078	85.70217	523.798	762.8552	677.1534	800.6583
Q9Y289	RT07_HUMAN	MRP57	28S ribosomal protein S7, mitochondrial	1	5.950	2.86E-02	0.128065	0.761971	0.252923	0	0	0.259337	0.41365	0.569384	1.025712	1.039138
P53396	ACLY_HUMAN	ACLY	ATP-citrate synthase	22	5.993	2.86E-02	298.4119	1788.296	349.9514	166.5398	220.3309	456.8258	1902.839	1948.154	1742.359	1559.833
P61289	PSME3_HUMAN	PSME3	Proteasome activator complex subunit 3	4	5.997	2.86E-02	39.66084	237.8623	115.0798	0	20.37449	23.18913	261.9344	252.6101	148.9078	287.9971
P07947	YES_HUMAN	YES1	Tyrosine-protein kinase Yes	3	6.011	2.86E-02	8.320847	50.013	0	17.50672	15.77667	0	65.34978	41.70525	62.35995	30.63703
O75879	GATB_HUMAN	GATB	Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit B, mitochondrial	2	6.011	2.86E-02	3.29194	19.78758	2.902971	2.907448	3.327863	4.029478	24.17669	15.7029	22.81312	16.45761
Q99536	VAT1_HUMAN	VAT1	Synaptic vesicle membrane protein VAT-1 homolog	4	6.012	2.86E-02	45.95835	276.2791	0	112.7139	71.11951	0	332.1316	243.4028	269.6333	259.9486
Q9UPN7	PPP6R1_HUMAN	PPP6R1	Serine/threonine-protein phosphatase 6 regulatory subunit 1	2	6.095	2.86E-02	2.391908	14.57753	0	0	2.937448	6.630182	23.68387	8.841552	13.40682	12.3779
Q9Y6C9	MTCH2_HUMAN	MTCH2	Mitochondrial carrier homolog 2	3	6.127	2.86E-02	15.83161	96.99707	13.73353	18.17299	31.41994	0	80.56878	112.9055	117.3956	77.11849
P31153	METK2_HUMAN	MAT2A	S-adenosylmethionine synthase isoform type-2	8	6.135	2.86E-02	121.7825	747.1094	113.8957	130.1057	139.3131	103.8154	833.5304	813.9956	539.9921	800.9194
P12004	PCNA_HUMAN	PCNA	Proliferating cell nuclear antigen	3	6.162	2.86E-02	78.29228	482.4522	261.654	0	0	51.51508	505.5292	436.9239	416.1658	571.1901
Q9Y387	RM11_HUMAN	MRPL11	39S ribosomal protein L11, mitochondrial	1	6.183	2.86E-02	7.291596	45.0827	0	29.16638	0	0	56.06892	48.2762	35.62116	40.3645
Q00796	DHSO_HUMAN	SORD	Sorbitol dehydrogenase	5	6.192	2.86E-02	28.76858	178.1291	0	35.98987	35.9644	43.12003	133.4768	180.4684	205.4021	193.1692
P40429	RL13A_HUMAN	RPL13A	60S ribosomal protein L13a	2	6.212	2.86E-02	17.39363	108.0503	43.72177	0	25.85275	0	156.4315	139.0109	90.38183	46.37702
P23919	KTHY_HUMAN	DTYMK	Thymidylate kinase	3	6.221	2.86E-02	36.27814	225.7002	29.8352	71.04926	0	44.22812	242.797	235.0083	207.4032	217.5923
Q08945	SSRP1_HUMAN	SSRP1	FACT complex subunit SSRP1	14	6.338	2.86E-02	217.4978	1378.582	267.2186	195.7548	162.2631	244.7546	1535.25	1408.613	1249.612	1320.854
Q96F86	EDC3_HUMAN	EDC3	Enhancer of mRNA-decapping protein 3	2	6.373	2.86E-02	2.614772	16.66379	7.089081	3.370006	0	0	18.38499	10.63444	18.42922	19.20652
P35637	FUS_HUMAN	FUS	RNA-binding protein FUS	3	6.450	2.86E-02	79.1941	510.8187	53.61314	107.2804	96.66989	59.21299	539.2695	546.2912	488.4162	469.2979

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P62847	RS24_HUMAN	RPS24	40S ribosomal protein S24	2	6.534	2.86E-02	20.60236	134.6221	0	0	0	82.40946	121.6106	156.137	108.0702	152.6705
Q09028	RBBP4_HUMAN	RBBP4	Histone-binding protein RBBP4	8	6.570	2.86E-02	205.6573	1351.154	356.5886	144.9129	209.9079	111.2197	1418.366	1387.843	1169.195	1429.214
Q95831	AIFM1_HUMAN	AIFM1	Apoptosis-inducing factor 1, mitochondrial	10	6.664	2.86E-02	129.8087	865.0549	128.9583	50.00444	238.3575	101.9147	699.7809	818.5348	1202.512	739.3917
Q9Y220	SGT1_HUMAN	SUGT1	Protein SGT1 homolog	2	6.693	2.86E-02	15.52887	103.9326	34.36203	27.75344	0	0	107.3914	93.69805	85.36401	129.2768
P09110	THIK_HUMAN	ACAA1	3-ketoacyl-CoA thiolase, peroxisomal	2	6.742	2.86E-02	18.05551	121.7293	20.75737	22.09018	29.37448	0	138.4858	124.5122	112.5743	111.3429
P49406	RM19_HUMAN	MRPL19	39S ribosomal protein L19, mitochondrial	1	6.868	2.86E-02	5.301412	36.4095	0	21.20565	0	0	40.95091	32.12136	34.19296	38.37275
P78406	RAE1_HUMAN	RAE1	mRNA export factor	3	6.882	2.86E-02	20.35299	140.0654	0	40.45845	40.95353	0	140.2127	129.3279	134.3355	156.3854
P61353	RL27_HUMAN	RPL27	60S ribosomal protein L27	3	6.902	2.86E-02	60.89579	420.3089	0	38.11503	82.77859	122.6896	509.6697	351.7394	312.678	507.1485
Q8IYB3	SRRM1_HUMAN	SRRM1	Serine/arginine repetitive matrix protein 1	1	6.954	2.86E-02	5.074561	35.28887	20.29824	0	0	0	32.63954	39.52484	34.45263	34.53846
P18754	RCC1_HUMAN	RCC1	Regulator of chromosome condensation	5	7.037	2.86E-02	39.9591	281.178	36.52878	35.57747	43.89097	43.83919	264.656	277.2983	290.1208	292.637
Q9Y3F4	STRAP_HUMAN	STRAP	Serine-threonine kinase receptor-associated protein	9	7.042	2.86E-02	102.9775	725.1163	215.4675	116.7115	0	79.73097	709.2234	639.117	647.6346	904.49
P13674	P4HA1_HUMAN	P4HA1	Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-1	4	7.061	2.86E-02	29.10164	205.4728	31.46228	46.80712	19.72528	18.41187	221.3016	161.7367	256.6419	182.2109
Q98T10	ANP32E_HUMAN	ANP32E	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member E	4	7.077	2.86E-02	41.80426	295.8623	94.96678	0	0	72.25027	270.478	221.4105	433.0446	258.5163
BSME19	EIFCL_HUMAN	EIFCL	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C-like protein	5	7.099	2.86E-02	23.12384	164.1644	38.62144	0.838117	50.12249	2.913317	162.4403	197.7629	101.8304	194.6239
Q95340	PAP52_HUMAN	PAP52	Bifunctional 3-phosphoadenosine 5-phosphosulfate synthase 2	1	7.143	2.86E-02	8.335144	59.54132	25.57418	0	0	7.7664	70.48001	78.67306	42.43379	46.57844
Q92804	RBP56_HUMAN	TAF15	TATA-binding protein-associated factor 2N	1	7.144	2.86E-02	12.50579	89.34057	0	0	17.86659	32.15657	97.07033	77.47384	98.52337	84.29474
O00743	PPP4_HUMAN	PPP4C	Serine/threonine-protein phosphatase 4 catalytic subunit	4	7.169	2.86E-02	13.71341	98.30528	18.46979	0	19.18279	17.20105	149.7056	72.55702	52.55344	118.405
Q95299	NDUAA_HUMAN	NDUFA10	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 10, mitochondrial	3	7.185	2.86E-02	11.49962	82.62322	10.01219	23.87071	0	12.11558	90.58686	67.2061	108.6583	64.04162
Q98Z25	API5_HUMAN	API5	Apoptosis inhibitor 5	4	7.279	2.86E-02	22.76265	165.6894	42.72297	0	28.52073	19.80689	99.65059	219.9833	223.0447	120.079
P46060	RAGP1_HUMAN	RANGAP1	Ran GTPase-activating protein 1	7	7.300	2.86E-02	72.83221	531.6618	84.19744	79.30867	66.62841	61.19434	600.3576	577.1043	335.9331	613.2524
Q9P289	STK26_HUMAN	STK26	Serine/threonine-protein kinase 26	1	7.315	2.86E-02	2.763939	20.21812	0	3.327503	7.728255	0	19.21815	19.34616	21.33146	20.97671
P11172	UMPS_HUMAN	UMPS	Uridine 5-monophosphate synthase	4	7.333	2.86E-02	25.10723	184.0994	31.54283	19.44808	22.99801	26.44001	237.7173	182.2821	121.2372	195.161
P15121	ALDR_HUMAN	AKR1B1	Aldose reductase	4	7.425	2.86E-02	69.6015	516.7874	42.32023	102.5016	80.02168	53.56248	364.4278	367.8347	742.3621	592.5249
P31689	DNJA1_HUMAN	DNJA1	DnaJ homolog subfamily A member 1	6	7.440	2.86E-02	61.42692	457.0343	107.0813	0	27.31124	111.3151	501.6964	472.8387	306.8583	546.7437
Q6NVY1	HIBCH_HUMAN	HIBCH	3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase, mitochondrial	2	7.460	2.86E-02	6.0165	44.88326	0	24.066	0	0	46.4144	37.56247	59.81667	35.73948
P52434	RPAB3_HUMAN	POLR2H	DNA-directed RNA polymerases I, II, and III subunit RPABC3	1	7.464	2.86E-02	14.39462	107.4413	26.41994	0	0	31.15855	142.2931	131.4191	117.7698	38.28324
P05455	LA_HUMAN	SSB	Lupus La protein	10	7.552	2.86E-02	164.4509	1241.939	149.133	77.98762	96.43688	334.2463	1115.642	1235.845	1585.447	1030.82
P54886	P5CS_HUMAN	ALDH18A1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase	7	7.806	2.86E-02	40.86992	319.0209	39.10634	0	65.24106	59.13227	236.3489	386.4435	325.9	327.3911
Q8WWM7	ATX2L_HUMAN	ATXN2L	Ataxin-2-like protein	6	7.862	2.86E-02	34.77612	273.4142	41.6114	27.1515	33.6646	36.67698	301.2291	260.2118	198.5131	333.7027
Q9P287	BCCIP_HUMAN	BCCIP	BRC2 and CDKN1A-interacting protein	4	7.924	2.86E-02	46.30387	366.8926	67.29834	33.85322	40.26874	43.79516	418.3053	363.0874	271.6266	414.5511
P49748	ACADV_HUMAN	ACADVL	Very long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	9	7.926	2.86E-02	72.41663	573.9438	0	134.5513	136.0208	19.09434	458.0039	525.0857	962.8177	349.8679
P30154	2AAB_HUMAN	PPP2R1B	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A beta isoform	1	7.931	2.86E-02	5.008108	39.71911	20.03243	0	0	0	46.99004	40.59522	25.9063	45.38488
Q95433	AHSA1_HUMAN	AHSA1	Activator of 90 kDa heat shock protein ATPase homolog 1	5	8.024	2.86E-02	106.5655	855.07	194.6457	73.85218	41.15807	116.6061	838.6202	901.2417	682.9503	997.4678

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O75400	PR40A_HUMAN	PRPF40A	Pre-miRNA-processing factor 40 homolog A	1	8.096	2.86E-02	4.500652	36.43931	18.00261	0	0	0	40.24399	34.71803	32.16139	38.63384
P49902	SNTC_HUMAN	NTSC2	Cytosolic purine 5-nucleotidase	3	8.209	2.86E-02	9.960926	81.76487	8.981167	12.61311	10.06719	8.182239	41.93959	140.6531	73.86656	70.6002
P11387	TOP1_HUMAN	TOP1	DNA topoisomerase 1	5	8.314	2.86E-02	14.83869	123.3754	36.81876	0	0	22.53601	76.18587	224.9586	81.76676	110.5902
O95757	H574L_HUMAN	HSPA4L	Heat shock 70 kDa protein 4L	7	8.344	2.86E-02	77.08201	643.1869	88.3618	72.24395	73.75192	73.97038	731.1581	623.8443	568.5639	649.1814
Q8NB72	SPC24_HUMAN	SPC24	Kinetochore protein Spc24	1	8.355	2.86E-02	1.685076	14.07802	6.740306	0	0	0	16.89541	15.32232	10.87576	13.21861
Q9Y559	RBM8A_HUMAN	RBM8A	RNA-binding protein 8A	1	8.540	2.86E-02	12.49537	106.7043	0	49.98146	0	0	93.22266	108.2275	99.74537	125.6215
P35659	DEK_HUMAN	DEK	Protein DEK	3	8.579	2.86E-02	12.18264	104.5188	0	22.31992	0	26.41065	103.1569	84.82092	119.7578	110.3396
Q10713	MPPA_HUMAN	PMPCA	Mitochondrial-processing peptidase subunit alpha	4	8.738	2.86E-02	12.83262	112.1353	12.83139	16.27758	10.87647	11.34506	34.78555	87.08151	163.3884	163.2856
O95202	LETM1_HUMAN	LETM1	LETM1 and EF-hand domain-containing protein 1, mitochondrial	7	8.850	2.86E-02	26.48219	234.3707	28.90083	38.60899	38.41894	0	153.9169	237.9419	339.3481	206.2759
Q15459	SF3A1_HUMAN	SF3A1	Splicing factor 3A subunit 1	8	8.989	2.86E-02	62.44751	561.3098	146.7998	60.35454	0	42.6357	550.2369	364.911	642.0898	688.0017
Q86Y56	DAAF5_HUMAN	DAAF5	Dynein assembly factor 5, axonemal	1	9.032	2.86E-02	2.211059	19.97025	8.844235	0	0	0	21.79336	25.9944	15.04582	17.04544
Q9Y2R5	RT17_HUMAN	MRFS17	28S ribosomal protein S17, mitochondrial	1	9.077	2.86E-02	3.826331	34.73104	0	0	15.30532	0	44.25324	30.57526	28.9231	35.17254
P10155	RO60_HUMAN	TROVE2	60 kDa SS-A/Ro ribonucleoprotein	4	9.394	2.86E-02	16.12712	151.5033	11.06738	15.30115	20.16105	17.97891	140.243	140.9336	194.3736	130.4629
Q8N983	RM43_HUMAN	MRPL43	39S ribosomal protein L43, mitochondrial	2	9.417	2.86E-02	5.382659	50.68657	21.53064	0	0	0	65.07711	60.45675	53.99356	23.81886
Q9UN86	G3BP2_HUMAN	G3BP2	Ras GTPase-activating protein-binding protein 2	3	9.471	2.86E-02	11.27245	106.7581	20.08076	0	0	25.00903	95.43532	165.374	70.50684	95.7163
P62495	ERF1_HUMAN	ETF1	Eukaryotic peptide chain release factor subunit 1	7	9.549	2.86E-02	38.45463	367.1978	38.73581	18.54058	14.46046	82.08168	479.9891	485.0514	244.2234	259.5271
P23786	CPT2_HUMAN	CPT2	Camitline O-palmitoyltransferase 2, mitochondrial	3	9.616	2.86E-02	8.624989	82.93824	0	19.86163	14.63833	0	78.87217	62.89484	123.4826	66.50333
Q8WXF1	PSPC1_HUMAN	PSPC1	Paraspeckle component 1	5	9.784	2.86E-02	49.5252	484.573	44.50309	78.4586	47.60569	27.53342	472.3948	376.2392	572.8867	516.7715
P35270	SPRE_HUMAN	SPR	Sepiapterin reductase	3	9.946	2.86E-02	12.55485	124.8731	0	24.30494	15.83892	10.07553	204.8232	47.40206	115.904	131.3633
Q9BWF3	RBM4_HUMAN	RBM4	RNA-binding protein 4	4	9.949	2.86E-02	21.77512	216.6416	55.98127	31.11923	0	0	237.1214	243.8092	155.4225	230.2134
O75475	PSIP1_HUMAN	PSIP1	PC4 and SFRS1-interacting protein	2	10.032	2.86E-02	4.795599	48.10883	0	0	0	19.1824	40.75904	19.7426	81.78204	50.15164
Q07021	C1QBP_HUMAN	C1QBP	Complement component 1 Q subcomponent-binding protein, mitochondrial	5	10.124	2.86E-02	48.10861	487.0722	30.27016	80.4574	38.33001	43.37687	226.962	319.955	867.5327	533.8393
O94903	PROSC_HUMAN	PROSC	Proline synthase co-transcribed bacterial homolog protein	2	10.183	2.86E-02	3.89134	39.62371	0	15.56536	0	0	19.6019	31.30867	61.87115	45.71311
P52888	THOP1_HUMAN	THOP1	Thimet oligopeptidase	2	10.401	2.86E-02	3.487542	36.27424	0	0	0	13.95017	31.10452	41.38479	36.31617	36.2915
Q96D17	SNR40_HUMAN	SNRNP40	U5 small nuclear ribonucleoprotein 40 kDa protein	3	10.541	2.86E-02	19.75195	208.2098	26.70186	28.72986	23.57607	0	247.9373	178.06	198.5666	208.2751
Q9H993	ARMT1_HUMAN	ARMT1	Protein-glutamate O-methyltransferase	3	10.578	2.86E-02	3.355452	35.49299	0	0	0	13.42181	38.55748	18.85259	42.63083	41.93104
Q9BX40	LS14B_HUMAN	LSM14B	Protein LSM14 homolog B	1	10.605	2.86E-02	2.345601	24.87595	0	0	9.382404	0	25.71172	33.09264	26.24999	14.44946
Q9HDW9	CK054_HUMAN	C11orf54	Ester hydrolase C11orf54	1	10.622	2.86E-02	3.874109	41.14937	0	15.49644	0	0	42.49604	31.67537	54.14203	36.28404
Q15393	SF3B3_HUMAN	SF3B3	Splicing factor 3B subunit 3	3	10.722	2.86E-02	5.005171	53.66516	8.763686	0	0	11.257	46.70727	71.86424	22.68558	73.40356
Q15029	US51_HUMAN	EFTUD2	116 kDa U5 small nuclear ribonucleoprotein component	12	10.784	2.86E-02	52.26967	563.6692	78.66375	43.8633	49.27585	37.27579	731.4631	516.6773	463.4112	542.9252
P78347	GTF2L_HUMAN	GTF2L	General transcription factor II-I	8	10.823	2.86E-02	31.96672	345.9645	40.42733	14.63488	30.39425	42.41042	268.6077	274.5397	470.178	370.5328
P10599	THIO_HUMAN	TXN	Thioredoxin	4	10.835	2.86E-02	51.49107	557.9282	49.65015	14.79571	47.12546	94.39295	571.3233	505.2103	500.2391	654.9403
P17844	DDX5_HUMAN	DDX5	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX5	13	11.065	2.86E-02	239.0773	2645.463	399.0699	147.6584	213.9188	195.6619	2894.275	3004.086	2020.516	2662.975

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q13033	STRN3_HUMAN	STRN3	Striatin-3	2	11.255	2.86E-02	4.554734	51.26527	0	18.21894	0	0	31.30649	51.79459	51.97299	69.98701
P46926	GNP1_HUMAN	GNPDA1	Glucosamine-6-phosphate isomerase 1	2	11.326	2.86E-02	10.66858	120.8292	0	0	20.53457	22.13974	145.5247	119.5359	118.9078	99.34843
P31323	KAP3_HUMAN	PRKAR2B	cAMP-dependent protein kinase type II-beta regulatory subunit	1	11.336	2.86E-02	7.601754	86.17663	0	30.40702	0	0	84.94159	79.42629	97.75962	82.579
Q9BQ67	GRWD1_HUMAN	GRWD1	Glutamate-rich WD repeat-containing protein 1	7	11.351	2.86E-02	29.52915	335.1969	57.28615	0	12.27272	48.55774	282.8289	347.0217	274.8497	436.0873
B2RPK0	HGB1A_HUMAN	HMG81P1	Putative high mobility group protein B1-like 1	2	11.497	2.86E-02	15.28391	175.7265	0	0	0	61.13564	140.3339	193.2138	63.06259	306.2957
O15067	PUR4_HUMAN	PFAS	Phosphoribosylformylglycinamide synthase	13	11.916	2.86E-02	41.69467	496.8245	58.72797	0	65.01872	43.03197	504.9727	419.333	432.6406	630.3516
P51114	FXR1_HUMAN	FXR1	Fragile X mental retardation syndrome-related protein 1	3	11.964	2.86E-02	12.20749	146.0479	40.89452	7.935462	0	0	108.5527	109.2622	199.3762	167.0006
Q15165	PON2_HUMAN	PON2	Serum paraoxonase/arylesterase 2	3	11.993	2.86E-02	17.29797	207.4569	0	31.42939	24.36757	13.3949	261.8536	175.4237	222.0289	170.5215
P82930	RT34_HUMAN	MRPS34	28S ribosomal protein S34, mitochondrial	2	12.038	2.86E-02	3.074942	37.01749	12.29977	0	0	0	38.66857	22.61677	43.83908	42.94556
O40684	IMA7_HUMAN	KPNA6	Importin subunit alpha-7	4	12.321	2.86E-02	8.446085	104.065	13.54263	9.592704	3.326084	7.32292	149.6854	24.20252	108.0801	134.292
O75832	PSD10_HUMAN	PSMD10	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 10	2	12.582	2.86E-02	2.384958	30.00873	0	0	0	9.53983	33.39696	18.98937	46.64203	21.00655
P35244	RFA3_HUMAN	RPA3	Replication protein A 14 kDa subunit	2	13.175	2.86E-02	10.11575	133.2722	27.3543	0	13.10869	0	118.5607	112.0928	144.7072	157.7281
P08243	ASNS_HUMAN	ASNS	Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing]	3	13.288	2.86E-02	7.621501	101.272	15.53782	0	0	14.94818	117.4599	79.16861	93.17714	115.2824
O40749	SNX2_HUMAN	SNX2	Sorting nexin-2	3	13.515	2.86E-02	11.34683	153.355	0	27.1561	18.23121	0	147.4839	95.43247	265.1577	105.346
Q16531	DDB1_HUMAN	DDB1	DNA damage-binding protein 1	10	13.642	2.86E-02	37.14988	506.7944	0	19.57445	81.01772	48.00736	532.1417	581.7228	506.4636	406.8497
Q9UHD1	CHRD1_HUMAN	CHORDC1	Cysteine and histidine-rich domain-containing protein 1	5	14.066	2.86E-02	22.56459	317.3832	20.3949	8.402997	27.41796	34.04252	311.4289	313.8796	236.0437	408.1805
Q99873	ANM1_HUMAN	PRMT1	Protein arginine N-methyltransferase 1	12	14.192	2.86E-02	66.0484	937.376	107.339	44.502	54.11557	58.23699	1220.77	1211.274	436.5655	880.8942
O95793	STAU1_HUMAN	STAU1	Double-stranded RNA-binding protein Staufen homolog 1	5	14.534	2.86E-02	18.58944	270.1727	56.30346	18.05429	0	0	300.9362	275.9504	159.5086	344.2955
P15170	ERF3A_HUMAN	GSPT1	Eukaryotic peptide chain release factor GTP-binding subunit ERF3A	3	14.954	2.86E-02	4.223209	63.15424	0	0	0	16.89284	51.41334	58.15741	65.97247	77.07374
Q5TAQ9	DCAF8_HUMAN	DCAF8	DDb1- and CUL4-associated factor 8	1	15.286	2.86E-02	0.462079	7.063354	0	1.848315	0	0	8.333587	5.486698	7.920057	6.513074
O00159	MYO1C_HUMAN	MYO1C	Unconventional myosin-1c	9	15.371	2.86E-02	21.83788	335.6704	0	21.94084	51.26972	14.14096	375.7694	387.8393	364.6243	214.4487
Q9GZL7	WDR12_HUMAN	WDR12	Ribosome biogenesis protein WDR12	4	15.428	2.86E-02	7.951332	122.6693	16.12583	7.988304	3.05484	4.636358	114.4202	116.6221	102.5483	157.0866
P49756	RBM25_HUMAN	RBM25	RNA-binding protein 25	4	15.450	2.86E-02	8.470043	130.8649	9.641666	0	0	24.23851	108.7446	135.2282	186.591	92.89578
P36639	BODP_HUMAN	NUDT1	7,8-dihydro-8-oxoguanine triphosphatase	2	15.454	2.86E-02	4.283171	66.19103	17.13268	0	0	0	65.48107	55.42199	54.18785	89.67319
O43776	SYNC_HUMAN	NARS	Asparagine-tRNA ligase, cytoplasmic	8	15.593	2.86E-02	42.37938	660.8292	39.81517	0	27.09781	102.6045	597.0876	905.8106	635.5903	504.8285
Q9GZL1	NAA50_HUMAN	NAA50	N-alpha-acetyltransferase 50	3	16.060	2.86E-02	8.586479	137.903	34.34592	0	0	0	119.5504	164.591	103.9613	163.5094
P42765	THIM_HUMAN	ACAA2	3-ketoacyl-CoA thiolase, mitochondrial	5	16.252	2.86E-02	18.14275	294.8538	0	29.59142	23.07805	19.90155	340.8941	176.7914	406.4585	255.2713
Q12874	SF3A3_HUMAN	SF3A3	Splicing factor 3A subunit 3	5	16.326	2.86E-02	19.7991	323.2465	43.36736	35.82905	0	0	399.5113	352.8692	319.5518	221.0536
P61221	ABCE1_HUMAN	ABCE1	ATP-binding cassette sub-family E member 1	5	16.678	2.86E-02	14.41689	240.4427	14.88269	0	12.05928	30.72559	243.7261	352.7701	248.1796	117.0951
Q13596	SNX1_HUMAN	SNX1	Sorting nexin-1	4	17.168	2.86E-02	6.536618	112.2228	0	0	0	26.14647	165.9042	65.68973	109.0122	108.2852
P37198	NUP62_HUMAN	NUP62	Nuclear pore glycoprotein p62	2	17.332	2.86E-02	1.585599	27.48233	6.342396	0	0	0	21.71257	25.58212	26.62957	36.00504
P11310	ACADM_HUMAN	ACADM	Medium-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	6	18.477	2.86E-02	25.03566	462.5883	9.206703	39.93003	51.00589	0	463.1038	369.9259	615.9238	401.3996
P09874	PARP1_HUMAN	PARP1	Poly [ADP-ribose] polymerase 1	13	19.098	2.86E-02	34.50896	659.0573	65.3249	5.425476	13.64228	53.6432	410.4998	685.7447	1050.99	488.9945

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9Y262	EIF3L_HUMAN	EIF3L	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit L	4	19.295	2.86E-02	3.970847	76.61703	0	0	15.88339	0	42.04159	137.0188	44.69448	82.71328
Q9PUK7	NUP50_HUMAN	NUP50	Nuclear pore complex protein Nup50	4	19.336	2.86E-02	3.091052	59.76902	12.36421	0	0	0	83.9721	64.0564	47.16062	43.88697
Q75150	BRE1B_HUMAN	RNF40	E3 ubiquitin-protein ligase BRE1B	1	19.406	2.86E-02	0.390637	7.65895	0	0	1.542548	0	5.1787	6.472837	9.585026	9.399236
Q99598	TSNAX_HUMAN	TSNAX	Translin-associated protein X	3	19.952	2.86E-02	5.91286	117.9724	0	0	0	23.65144	131.6926	81.85943	141.7774	116.5602
P27708	PYR1_HUMAN	CAD	CAD protein	6	20.242	2.86E-02	8.8155	178.4466	13.04887	0	0	22.21313	190.4344	299.7465	160.7051	62.90029
P41091	IF2G_HUMAN	EIF2S3	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3	3	20.838	2.86E-02	9.415814	196.2026	4.677456	0	0	32.9858	124.7311	374.6832	196.2601	89.13609
Q14694	UBP10_HUMAN	USP10	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 10	3	21.046	2.86E-02	4.838956	101.8417	19.35582	0	0	0	106.6138	103.6387	84.2413	112.8729
P61964	WDR5_HUMAN	WDR5	WD repeat-containing protein 5	5	21.330	2.86E-02	8.824152	188.2196	10.0283	8.659165	7.971931	8.637216	141.8386	213.3925	152.5508	245.0963
Q15424	SAFB1_HUMAN	SAFB	Scaffold attachment factor B1	2	22.124	2.86E-02	5.232488	115.7656	0	20.92995	0	0	120.1058	108.9807	111.6293	122.3467
Q9NP79	VTA1_HUMAN	VTA1	Vacuolar protein sorting-associated protein VTA1 homolog	2	22.170	2.86E-02	7.154728	158.6189	28.61891	0	0	0	157.2192	165.8101	170.6593	140.7871
P12277	KCRB_HUMAN	CKB	Creatine kinase B-type	9	22.973	2.86E-02	80.92269	1859.019	0	190.265	133.4258	0	2099.021	1480.269	2265.77	159.1018
Q6L8Q7	PDE12_HUMAN	PDE12	2,5-phosphodiesterase 12	2	23.060	2.86E-02	1.98967	45.88175	4.284379	0	0	3.674302	57.5612	46.4288	34.77799	44.75901
Q60493	SNX3_HUMAN	SNX3	Sorting nexin-3	1	24.862	2.86E-02	4.302097	106.9587	0	0	0	17.20839	121.4894	94.68915	72.83092	138.8252
P30566	PUR8_HUMAN	ADSL	Adenylosuccinate lyase	2	24.917	2.86E-02	6.858712	170.9016	27.43485	0	0	0	215.6008	169.824	147.8462	150.3356
Q43396	TXNL1_HUMAN	TXNL1	Thioredoxin-like protein 1	4	24.951	2.86E-02	8.867353	221.25	22.39251	0	0	13.07691	171.2617	267.0969	260.479	186.1623
Q09161	NCBP1_HUMAN	NCBP1	Nuclear cap-binding protein subunit 1	2	25.087	2.86E-02	4.287654	107.5637	0	17.15061	0	0	119.6312	125.2148	89.31258	96.096
Q16643	DREB_HUMAN	DBN1	Drebrin	7	25.808	2.86E-02	29.3101	756.4442	40.46761	3.054487	19.6568	54.06148	760.4549	762.5945	760.4935	742.2338
P25490	YY1_HUMAN	YY1	Transcriptional repressor protein YY1	1	26.409	2.86E-02	0.771626	20.3782	0	0	0	3.086502	17.93559	19.62367	20.87321	23.08035
QBNE71	ABCF1_HUMAN	ABCF1	ATP-binding cassette sub-family F member 1	3	27.892	2.86E-02	1.443083	40.25019	0	0	0	5.772331	13.96573	65.76901	50.79682	30.46919
Q06203	PUR1_HUMAN	PPAT	Amidophosphoribosyltransferase	4	28.758	2.86E-02	4.762577	136.9601	0	0	0	19.05031	151.7355	56.75105	189.2718	150.0819
P56545	CTBP2_HUMAN	CTBP2	C-terminal-binding protein 2	2	29.402	2.86E-02	4.442254	130.6124	17.76902	0	0	0	151.4797	146.3747	120.7637	103.8317
P43897	EFTS_HUMAN	TSFM	Elongation factor Ts, mitochondrial	4	29.417	2.86E-02	4.840164	142.3823	0	0	19.36066	0	115.6038	170.0014	159.6155	124.3086
Q9H0C8	ILKAP_HUMAN	ILKAP	Integrin-linked kinase-associated serine/threonine phosphatase 2C	4	30.548	2.86E-02	4.287086	130.9598	9.198648	0	7.949697	0	138.81	125.75	114.5086	144.7706
O00273	DFFA_HUMAN	DFFA	DNA fragmentation factor subunit alpha	4	30.888	2.86E-02	3.900323	120.4726	0	0	0	15.60129	137.2941	133.1733	88.87725	122.5456
P14735	IDE_HUMAN	IDE	Insulin-degrading enzyme	4	31.487	2.86E-02	4.086625	128.674	0	16.3465	0	0	149.9076	144.2042	77.9022	142.6819
P61224	RAP1B_HUMAN	RAP1B	Ras-related protein Rap-1b	3	31.571	2.86E-02	15.88988	501.6517	0	63.55951	0	0	460.1045	539.0572	548.8439	458.6014
P23921	RIR1_HUMAN	RRM1	Ribonucleoside-diphosphate reductase large subunit	6	31.696	2.86E-02	6.548222	207.5543	20.74932	0	0	5.443574	117.8437	273.6213	167.7112	271.0411
Q9Y5A9	YTHD2_HUMAN	YTHDF2	YTH domain-containing family protein 2	1	32.719	2.86E-02	1.162837	38.04739	0.881202	3.770148	0	0	47.44449	41.00157	22.44653	41.29696
Q96I24	FUBP3_HUMAN	FUBP3	Far upstream element-binding protein 3	5	33.246	2.86E-02	6.869436	228.3808	0	27.47774	0	0	221.3167	195.4438	248.4291	248.3338
Q9NR30	DDX21_HUMAN	DDX21	Nucleolar RNA helicase 2	5	36.168	2.86E-02	4.236052	153.2096	0	0	0	16.94421	109.3708	258.6062	108.1695	136.6917
P51398	RT29_HUMAN	DAP3	28S ribosomal protein S29, mitochondrial	3	36.613	2.86E-02	1.805899	66.11939	7.223597	0	0	0	66.30917	68.49353	74.47298	55.20186
Q9Y257	PDIIP2_HUMAN	POLDIP2	Polymerase delta-interacting protein 2	4	38.449	2.86E-02	2.957014	113.695	0	0	11.82805	0	83.86101	154.0953	69.2184	147.6053
Q7L014	DDX46_HUMAN	DDX46	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX46	3	39.573	2.86E-02	1.830363	72.43347	0	0	0	7.321453	76.65042	93.54939	66.33143	53.20266

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q2TAY7	SMU1_HUMAN	SMU1	WD40 repeat-containing protein SMU1	4	42.424	2.86E-02	4.307336	183.5939	17.22934	0	0	0	211.6016	198.8135	153.5284	170.432
Q8TEK9	IPO4_HUMAN	IPO4	Importin-4	10	49.070	2.86E-02	4.746325	232.9	18.9853	0	0	0	254.8884	240.824	183.1771	252.7104
O75533	SF3B1_HUMAN	SF3B1	Splicing factor 3B subunit 1	4	51.524	2.86E-02	1.827611	94.16675	0	0	0	7.310445	58.42196	129.7441	129.8676	58.63333
Q92900	RENT1_HUMAN	UPF1	Regulator of nonsense transcripts 1	6	54.126	2.86E-02	4.553434	246.459	0	0	0	18.21374	281.7786	231.0439	234.646	238.3676
O75534	CSDE1_HUMAN	CSDE1	Cold shock domain-containing protein E1	5	55.465	2.86E-02	5.752193	319.045	0	15.99039	0	7.01838	400.198	386.4277	127.7138	361.8408
P37840	SYUA_HUMAN	SNCA	Alpha-synuclein	4	59.864	2.86E-02	4.50017	269.3967	0	18.00068	0	0	305.5315	198.3297	332.3674	241.3582
Q15417	CNN3_HUMAN	CNN3	Calponin-3	4	61.569	2.86E-02	2.988352	183.9889	11.95341	0	0	0	219.8827	164.6208	162.9378	188.5144
Q72384	NUP54_HUMAN	NUP54	Nucleoporin p54	3	63.951	2.86E-02	1.258707	80.4958	0	0	0	5.034829	83.80042	70.40734	81.04884	86.7266
Q14566	MCM6_HUMAN	MCM6	DNA replication licensing factor MCM6	7	66.552	2.86E-02	5.265864	350.4525	21.06345	0	0	0	362.8524	290.123	296.7386	452.0958
P62993	GRB2_HUMAN	GRB2	Growth factor receptor-bound protein 2	4	66.998	2.86E-02	2.80636	188.02	0	11.22544	0	0	220.5694	163.699	182.8258	184.9859
P30038	AL4A1_HUMAN	ALDH4A1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, mitochondrial	3	69.125	2.86E-02	2.109929	145.8489	0	0	8.439717	0	149.7518	122.4983	210.9469	100.1988
P67936	TPM4_HUMAN	TPM4	Tropomyosin alpha-4 chain	1	69.187	2.86E-02	0.105921	7.328405	0.423686	0	0	0	9.034448	4.152685	6.093174	10.03331
Q93009	UBP7_HUMAN	USP7	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 7	12	70.759	2.86E-02	5.451774	385.7605	11.09959	0	10.7075	0	281.1121	318.8717	499.4409	443.6171
P23368	MAOM_HUMAN	ME2	NAD-dependent malic enzyme, mitochondrial	13	71.614	2.86E-02	11.98501	858.2961	21.43398	0	0	26.50605	742.3073	627.9871	1313.607	749.2832
Q43252	PAPS1_HUMAN	PAPS1	Bifunctional 3-phosphoadenosine 5-phosphosulfate synthase 1	4	74.546	2.86E-02	2.564747	191.1927	0	0	0	10.25899	201.4219	204.5916	170.0788	188.6785
P31483	TIA1_HUMAN	TIA1	Nucleolin TIA-1 isoform p40	3	86.180	2.86E-02	0.830143	71.54141	0.629084	2.691486	0	0	82.34517	43.99567	95.78916	64.03565
P33991	MCM4_HUMAN	MCM4	DNA replication licensing factor MCM4	8	92.991	2.86E-02	3.302492	307.1022	13.20997	0	0	0	318.7597	261.1831	286.2524	362.2137
P33993	MCM7_HUMAN	MCM7	DNA replication licensing factor MCM7	11	200.552	2.86E-02	3.479699	697.8595	13.9188	0	0	0	884.8831	721.5464	416.4865	768.5218
P62917	RL8_HUMAN	RPL8	60S ribosomal protein L8	2	221.076	2.86E-02	0.261984	57.9185	1.047937	0	0	0	73.11783	43.91618	27.87608	86.7639
P52292	IMA1_HUMAN	KPNA2	Importin subunit alpha-1	13	351.644	2.86E-02	4.10395	1443.13	16.4158	0	0	0	1833.973	1577.756	637.5753	1723.216
P09936	UCHL1_HUMAN	UCHL1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase isozyme L1	9	only in C3SA	2.86E-02	0	2834.708	1	0	0	0	2583.804	2781.539	3336.314	2637.175
Q86XP3	DDX42_HUMAN	DDX42	ATP-dependent RNA helicase DDX42	8	only in C3SA	2.86E-02	0	281.6099	1	0	0	0	277.0625	280.6581	345.1067	223.6123
Q9N2I8	IF2B1_HUMAN	IGF2BP1	Insulin-like growth factor 2 mRNA-binding protein 1	8	only in C3SA	2.86E-02	0	597.9006	1	0	0	0	617.8741	566.6185	581.7622	625.3476
P49736	MCM2_HUMAN	MCM2	DNA replication licensing factor MCM2	8	only in C3SA	2.86E-02	0	272.6349	1	0	0	0	281.4198	247.4961	202.3418	359.2821
Q15067	ACOX1_HUMAN	ACOX1	Peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 1	6	only in C3SA	2.86E-02	0	171.9084	1	0	0	0	239.727	146.5501	142.4304	158.9262
P34896	GLYC_HUMAN	SHMT1	Serine hydroxymethyltransferase, cytosolic	6	only in C3SA	2.86E-02	0	259.4929	1	0	0	0	255.4913	232.144	299.8318	250.5046
P43358	MAGA4_HUMAN	MAGEA4	Melanoma-associated antigen 4	6	only in C3SA	2.86E-02	0	1200.124	1	0	0	0	905.5959	1263.516	1125.908	1505.474
Q16352	AINX_HUMAN	INA	Alpha-internexin	5	only in C3SA	2.86E-02	0	220.2663	1	0	0	0	313.1457	155.2846	200.033	212.6018
Q9H0S4	DDX47_HUMAN	DDX47	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX47	5	only in C3SA	2.86E-02	0	113.3773	1	0	0	0	135.1734	155.6414	37.10283	125.5917
Q3LXA3	DHAK_HUMAN	DAK	Bifunctional ATP-dependent dihydroxyacetone kinase/FAD-AMP lyase (cyclizing)	5	only in C3SA	2.86E-02	0	133.6207	1	0	0	0	147.9888	123.3318	146.0895	117.0727
Q14194	DPYL1_HUMAN	CRMP1	Dihydropyrimidinase-related protein 1	5	only in C3SA	2.86E-02	0	194.6977	1	0	0	0	135.8581	146.4738	291.3695	205.0893
P25205	MCM3_HUMAN	MCM3	DNA replication licensing factor MCM3	5	only in C3SA	2.86E-02	0	276.1223	1	0	0	0	288.3126	322.3296	187.7825	306.0645
P33992	MCM5_HUMAN	MCM5	DNA replication licensing factor MCM5	5	only in C3SA	2.86E-02	0	235.8278	1	0	0	0	213.002	239.488	174.4398	316.3813

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

O43172	PRPF4_HUMAN	PRPF4	U4/U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp4	5	only in C33A	2.86E-02	0	155.1144	1	0	0	0	193.9791	153.6989	94.56716	178.2125
Q9PUK3	ACIN1_HUMAN	ACIN1	Apoptotic chromatin condensation inducer in the nucleus	4	only in C33A	2.86E-02	0	142.6629	1	0	0	0	106.745	139.0406	164.5569	160.3092
P36404	ARL2_HUMAN	ARL2	ADP-ribosylation factor-like protein 2	4	only in C33A	2.86E-02	0	117.6323	1	0	0	0	121.1864	119.8927	113.9587	115.4912
Q14137	BOP1_HUMAN	BOP1	Ribosome biogenesis protein BOP1	4	only in C33A	2.86E-02	0	102.3414	1	0	0	0	95.82009	118.8818	68.96025	125.7036
P35520	CBS_HUMAN	CBS	Cystathionine beta-synthase	4	only in C33A	2.86E-02	0	191.7424	1	0	0	0	207.0167	157.0488	216.5681	186.3361
Q6P1J9	CDC73_HUMAN	CDC73	Parafibromin	4	only in C33A	2.86E-02	0	48.10692	1	0	0	0	36.874	51.75891	45.52696	58.2678
P46108	CRK_HUMAN	CRK	Adapter molecule crk	4	only in C33A	2.86E-02	0	245.4637	1	0	0	0	259.7833	227.9368	220.6618	273.473
Q05048	CSTF1_HUMAN	CSTF1	Cleavage stimulation factor subunit 1	4	only in C33A	2.86E-02	0	140.1507	1	0	0	0	135.9409	93.67823	166.5045	164.4792
O15372	EIF3H_HUMAN	EIF3H	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit H	4	only in C33A	2.86E-02	0	229.2151	1	0	0	0	281.4474	262.4358	147.1702	225.607
QB8857	ENAH_HUMAN	ENAH	Protein enabled homolog	4	only in C33A	2.86E-02	0	73.75356	1	0	0	0	58.0483	111.173	52.49004	73.30285
Q96CN7	ISOC1_HUMAN	ISOC1	Isochormatase domain-containing protein 1	4	only in C33A	2.86E-02	0	171.6476	1	0	0	0	207.2894	153.6543	161.7792	163.8675
P43034	LIS1_HUMAN	PAFAH1B1	Platelet-activating factor acetylhydrolase 1B subunit alpha	4	only in C33A	2.86E-02	0	334.5541	1	0	0	0	346.876	354.6532	326.9601	309.7272
O75439	MPP8_HUMAN	MPP8	Mitochondrial-processing peptidase subunit beta	4	only in C33A	2.86E-02	0	88.43068	1	0	0	0	57.37167	90.0756	112.6374	93.63803
P49821	NDUF1_HUMAN	NDUFV1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 1, mitochondrial	4	only in C33A	2.86E-02	0	77.00412	1	0	0	0	61.68642	42.57434	105.8341	97.92162
P46459	NSF_HUMAN	NSF	Vesicle-fusing ATPase	4	only in C33A	2.86E-02	0	129.4908	1	0	0	0	158.6936	91.61675	156.0182	111.6346
O15355	PPM1G_HUMAN	PPM1G	Protein phosphatase 1G	4	only in C33A	2.86E-02	0	125.9949	1	0	0	0	64.60247	130.1307	131.2652	177.9813
Q14160	SCRIB_HUMAN	SCRIB	Protein scribble homolog	4	only in C33A	2.86E-02	0	51.81299	1	0	0	0	88.47451	29.44541	21.56058	67.77148
Q965I9	STRBP_HUMAN	STRBP	Spermatid perinuclear RNA-binding protein	4	only in C33A	2.86E-02	0	112.1049	1	0	0	0	47.76361	122.6202	155.3462	122.6899
Q2NL82	TSR1_HUMAN	TSR1	Pre-rRNA-processing protein TSR1 homolog	4	only in C33A	2.86E-02	0	84.74772	1	0	0	0	112.0571	41.79444	83.83652	101.3029
O94973	AP2A2_HUMAN	AP2A2	AP-2 complex subunit alpha-2	3	only in C33A	2.86E-02	0	46.26123	1	0	0	0	21.08846	69.05945	71.00556	23.89147
Q00535	CDK5_HUMAN	CDK5	Cyclin-dependent-like kinase 5	3	only in C33A	2.86E-02	0	50.02577	1	0	0	0	61.10826	38.2384	57.60944	43.14697
P09543	CN37_HUMAN	CNP	2,3-cyclic-nucleotide 3-phosphodiesterase	3	only in C33A	2.86E-02	0	71.7545	1	0	0	0	92.21614	59.10886	98.7525	36.94049
P51452	DUS3_HUMAN	DUSP3	Dual specificity protein phosphatase 3	3	only in C33A	2.86E-02	0	137.7064	1	0	0	0	119.2575	159.1896	132.1359	140.2426
O75521	ECI2_HUMAN	ECI2	Enoyl-CoA delta isomerase 2, mitochondrial	3	only in C33A	2.86E-02	0	64.55023	1	0	0	0	59.64392	75.00601	103.6634	19.88759
Q9NQ15	EXOSC3_HUMAN	EXOSC3	Exosome complex component RRP40	3	only in C33A	2.86E-02	0	53.22261	1	0	0	0	30.96313	60.11978	56.96026	64.84727
Q06265	EXOSC9_HUMAN	EXOSC9	Exosome complex component RRP45	3	only in C33A	2.86E-02	0	113.11	1	0	0	0	134.2847	114.5408	87.57888	116.0358
P39748	FEN1_HUMAN	FEN1	Flap endonuclease 1	3	only in C33A	2.86E-02	0	138.4055	1	0	0	0	126.9024	115.5913	167.5737	143.5547
O14929	HAT1_HUMAN	HAT1	Histone acetyltransferase type B catalytic subunit	3	only in C33A	2.86E-02	0	78.61434	1	0	0	0	27.97084	99.64131	105.9737	80.87148
P51610	HCF1_HUMAN	HCF1	Host cell factor 1	3	only in C33A	2.86E-02	0	110.3866	1	0	0	0	151.8567	154.7395	50.01627	84.93379
Q9NPH2	INO1_HUMAN	ISYNA1	Inositol-3-phosphate synthase 1	3	only in C33A	2.86E-02	0	138.0063	1	0	0	0	121.3581	109.1195	196.6496	124.8979
O60341	KDM1A_HUMAN	KDM1A	Lysine-specific histone demethylase 1A	3	only in C33A	2.86E-02	0	47.8403	1	0	0	0	38.55849	61.87996	22.62983	68.29291
P49321	NASP_HUMAN	NASP	Nuclear autoantigenic sperm protein	3	only in C33A	2.86E-02	0	115.1652	1	0	0	0	131.2758	74.34198	104.9991	150.044
Q16795	NDUA9_HUMAN	NDUFA9	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 9, mitochondrial	3	only in C33A	2.86E-02	0	44.219	1	0	0	0	42.53644	44.9339	66.77441	22.63127

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q8WUM0	NU133_HUMAN	NUP133	Nuclear pore complex protein Nup133	3	only in C33A	2.86E-02	0	60.13098	1	0	0	0	88.31461	66.87904	11.15834	74.17191
Q96RS6	NUDC1_HUMAN	NUDC1	NudC domain-containing protein 1	3	only in C33A	2.86E-02	0	84.87335	1	0	0	0	93.42464	79.56505	79.93377	86.56995
Q8NFM4	NUP37_HUMAN	NUP37	Nucleoporin Nup37	3	only in C33A	2.86E-02	0	90.5955	1	0	0	0	97.3733	101.9638	72.99131	90.05363
Q8NFM3	NUP43_HUMAN	NUP43	Nucleoporin Nup43	3	only in C33A	2.86E-02	0	120.9552	1	0	0	0	167.7624	123.639	117.4643	74.95518
O14737	PDCD5_HUMAN	PDCD5	Programmed cell death protein 5	3	only in C33A	2.86E-02	0	100.5619	1	0	0	0	119.8635	87.34514	83.21788	111.8211
Q96HS1	PGAM5_HUMAN	PGAM5	Serine/threonine-protein phosphatase PGAM5, mitochondrial	3	only in C33A	2.86E-02	0	127.5235	1	0	0	0	144.6663	137.7522	106.6344	121.0413
Q08752	PPID_HUMAN	PPID	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase D	3	only in C33A	2.86E-02	0	137.1724	1	0	0	0	188.8085	176.6427	41.68531	141.553
P60891	PRPS1_HUMAN	PRPS1	Ribose-phosphate pyrophosphokinase 1	3	only in C33A	2.86E-02	0	68.54734	1	0	0	0	69.31864	62.08214	69.96687	72.8217
Q8NBN7	RDH13_HUMAN	RDH13	Retinol dehydrogenase 13	3	only in C33A	2.86E-02	0	55.63874	1	0	0	0	59.66412	60.29421	62.25302	40.34361
P27694	RFA1_HUMAN	RPA1	Replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit	3	only in C33A	2.86E-02	0	123.9522	1	0	0	0	112.5115	108.505	149.6333	125.159
Q96P16	RPR1A_HUMAN	RPRD1A	Regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 1A	3	only in C33A	2.86E-02	0	94.14711	1	0	0	0	78.35712	80.9724	109.0707	108.1882
P42285	SK2L2_HUMAN	SKIV2L2	Superkiller viralicidal activity 2-like 2	3	only in C33A	2.86E-02	0	86.9178	1	0	0	0	95.75748	120.2396	62.29885	69.37531
Q9LUQ7	SMC3_HUMAN	SMC3	Structural maintenance of chromosomes protein 3	3	only in C33A	2.86E-02	0	98.83523	1	0	0	0	105.2605	61.26945	108.2993	120.5116
Q9NQ88	TIGAR_HUMAN	TIGAR	Fructose-2,6-bisphosphatase TIGAR	3	only in C33A	2.86E-02	0	50.33148	1	0	0	0	52.15056	57.53104	26.35691	65.28739
Q13595	TRA2A_HUMAN	TRA2A	Transformer-2 protein homolog alpha	3	only in C33A	2.86E-02	0	138.8147	1	0	0	0	53.87747	167.0985	177.8156	156.4674
Q96H79	ZCCHL_HUMAN	ZC3HAV1L	Zinc finger CCCH-type antiviral protein 1-like	3	only in C33A	2.86E-02	0	56.10778	1	0	0	0	79.4579	24.01421	42.16953	78.78947
Q14738	2ASD_HUMAN	PPP2R5D	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 56 kDa regulatory subunit delta isoform	2	only in C33A	2.86E-02	0	49.5502	1	0	0	0	61.07796	56.54193	66.39253	14.18837
Q9NY61	AATF_HUMAN	AATF	Protein AATF	2	only in C33A	2.86E-02	0	60.8525	1	0	0	0	67.07669	55.13457	51.53001	69.66873
P54687	BCAT1_HUMAN	BCAT1	Branched-chain-amino-acid aminotransferase, cytosolic	2	only in C33A	2.86E-02	0	26.43205	1	0	0	0	46.19223	11.1399	15.91649	32.47958
O15382	BCAT2_HUMAN	BCAT2	Branched-chain-amino-acid aminotransferase, mitochondrial	2	only in C33A	2.86E-02	0	160.4913	1	0	0	0	192.3431	132.5886	202.6985	114.335
Q5ZPR3	CD276_HUMAN	CD276	CD276 antigen	2	only in C33A	2.86E-02	0	36.69289	1	0	0	0	57.89482	32.53762	44.93124	11.4059
Q99459	CDC5L_HUMAN	CDC5L	Cell division cycle 5-like protein	2	only in C33A	2.86E-02	0	69.35497	1	0	0	0	38.4363	60.23871	95.308	83.43687
O95319	CELF2_HUMAN	CELF2	CUGBP Elav-like family member 2	2	only in C33A	2.86E-02	0	44.0131	1	0	0	0	62.34032	56.37344	13.60234	43.73629
O76031	CLPX_HUMAN	CLPX	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit clpX-like, mitochondrial	2	only in C33A	2.86E-02	0	63.12305	1	0	0	0	53.18064	77.91983	28.51832	92.87341
Q15003	CND2_HUMAN	NCAPH	Condensin complex subunit 2	2	only in C33A	2.86E-02	0	51.65071	1	0	0	0	55.3418	51.86396	45.03816	54.35892
Q9P20	CPSF2_HUMAN	CPSF2	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 2	2	only in C33A	2.86E-02	0	11.04669	1	0	0	0	13.55369	10.85347	9.717918	10.06166
Q9UMR2	DD19B_HUMAN	DDX19B	ATP-dependent RNA helicase DDX19B	2	only in C33A	2.86E-02	0	43.91123	1	0	0	0	37.92125	56.77979	36.15579	44.78811
O94760	DDAH1_HUMAN	DDAH1	N(G),N(G)-dimethylarginine dimethylaminohydrolase 1	2	only in C33A	2.86E-02	0	46.7791	1	0	0	0	25.0351	54.8868	68.20261	38.99191
Q9NXT5	ECHD1_HUMAN	ECHDC1	Ethylmalonyl-CoA decarboxylase	2	only in C33A	2.86E-02	0	45.1681	1	0	0	0	69.08636	52.16129	43.83144	15.59328
Q6P2E9	EDC4_HUMAN	EDC4	Enhancer of mRNA-decapping protein 4	2	only in C33A	2.86E-02	0	54.49658	1	0	0	0	69.82358	61.57669	25.0509	61.53516
Q9NY12	GAR1_HUMAN	GAR1	H/ACA ribonucleoprotein complex subunit 1	2	only in C33A	2.86E-02	0	33.88335	1	0	0	0	43.45543	13.40951	24.9287	53.73976
Q9Z769	HDAC2_HUMAN	HDAC2	Histone deacetylase 2	2	only in C33A	2.86E-02	0	59.47323	1	0	0	0	68.84752	61.79671	51.34671	55.90196
Q9H0R4	HDHD2_HUMAN	HDHD2	Halooxid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein 2	2	only in C33A	2.86E-02	0	23.12277	1	0	0	0	29.43719	25.59303	10.72301	26.73784

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P08397	HEM3_HUMAN	HMBS	Porphobilinogen deaminase	2	only in C3A	2.86E-02	0	45.49605	1	0	0	0	51.70621	40.70424	46.36708	43.20665
Q8WVV9	HNRLL_HUMAN	HNRNPLL	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like	2	only in C3A	2.86E-02	0	43.22495	1	0	0	0	38.08284	19.7426	63.49793	51.57444
P29218	IMPA1_HUMAN	IMPA1	Inositol monophosphatase 1	2	only in C3A	2.86E-02	0	50.13409	1	0	0	0	57.29088	48.90059	62.90221	31.44268
P13861	KAP2_HUMAN	PRKAR2A	cAMP-dependent protein kinase type II-alpha regulatory subunit	2	only in C3A	2.86E-02	0	31.16475	1	0	0	0	35.03298	36.86573	40.92921	11.8311
Q7Z4H8	KDEL2_HUMAN	KDEL2	KDEL motif-containing protein 2	2	only in C3A	2.86E-02	0	29.30419	1	0	0	0	37.65868	14.43033	38.65324	26.47452
P43362	MAGA9_HUMAN	MAGEA9	Melanoma-associated antigen 9	2	only in C3A	2.86E-02	0	1356.222	1	0	0	0	1149.857	1132.623	1359.241	1783.169
P50579	MAP2_HUMAN	METAP2	Methionine aminopeptidase 2	2	only in C3A	2.86E-02	0	42.74511	1	0	0	0	61.75458	66.56189	13.54124	29.12271
O43148	MCE5_HUMAN	RNMT	mRNA cap guanine-N7 methyltransferase	2	only in C3A	2.86E-02	0	41.83892	1	0	0	0	43.49583	40.26816	43.83144	39.76026
P16455	MGMT_HUMAN	MGMT	Methylated-DNA--protein-cysteine methyltransferase	2	only in C3A	2.86E-02	0	25.04558	1	0	0	0	38.48679	11.76429	19.69704	30.23421
Q8IUF8	MINA_HUMAN	MINA	Bifunctional lysine-specific demethylase and histidyl-hydroxylase MINA	2	only in C3A	2.86E-02	0	19.4004	1	0	0	0	17.79118	21.74956	17.91216	20.14868
Q9BV20	MTNA_HUMAN	MRI1	Methylthioribose-1-phosphate isomerase	2	only in C3A	2.86E-02	0	35.43055	1	0	0	0	48.84823	38.75179	10.66191	43.46028
Q9UCV2	NDRG3_HUMAN	NDRG3	Protein NDRG3	2	only in C3A	2.86E-02	0	65.06784	1	0	0	0	85.84039	66.53216	53.91291	53.98593
O75607	NPM3_HUMAN	NPM3	Nucleoplasm-3	2	only in C3A	2.86E-02	0	108.897	1	0	0	0	107.7549	173.6496	113.088	41.09555
Q8N1F7	NUP93_HUMAN	NUP93	Nuclear pore complex protein Nup93	2	only in C3A	2.86E-02	0	57.49778	1	0	0	0	47.83834	67.21601	55.34111	59.59563
Q9NX40	OCAD1_HUMAN	OCAD1	OCIA domain-containing protein 1	2	only in C3A	2.86E-02	0	43.33342	1	0	0	0	33.99279	52.67666	63.34518	23.31906
P61457	PHS_HUMAN	PCBD1	Pterin-4-alpha-carbinolamine dehydratase	2	only in C3A	2.86E-02	0	26.84914	1	0	0	0	43.61803	5.474805	30.06872	28.23501
Q8WYY3	PRP31_HUMAN	PRPF31	U4/U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp31	2	only in C3A	2.86E-02	0	57.43176	1	0	0	0	57.90691	36.03619	71.24996	64.53396
Q9Y3E5	PTH2_HUMAN	PTRH2	Peptidyl-IRNA hydrolase 2, mitochondrial	2	only in C3A	2.86E-02	0	46.16708	1	0	0	0	41.13269	51.13055	46.86352	45.54154
Q16576	RBBP7_HUMAN	RBBP7	Histone-binding protein RBBP7	2	only in C3A	2.86E-02	0	184.2844	1	0	0	0	149.4835	90.13011	289.9948	207.5292
P35249	RFC4_HUMAN	RFC4	Replication factor C subunit 4	2	only in C3A	2.86E-02	0	58.16701	1	0	0	0	61.72429	50.65483	55.81464	64.47428
P09651	ROA1_HUMAN	HNRNPA1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1	2	only in C3A	2.86E-02	0	218.7352	1	0	0	0	196.625	212.4113	242.3369	223.5675
Q9NR46	SHLB2_HUMAN	SH3GLB2	Endophilin-B2	2	only in C3A	2.86E-02	0	16.17074	1	0	0	0	11.70459	15.23609	20.98777	16.75451
Q8TAQ2	SMRC2_HUMAN	SMARCC2	SWI/SNF complex subunit SMARCC2	2	only in C3A	2.86E-02	0	37.58007	1	0	0	0	35.6793	37.3147	36.49183	40.83446
Q92925	SMRD2_HUMAN	SMARCD2	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily D member 2	2	only in C3A	2.86E-02	0	48.38429	1	0	0	0	71.51009	57.68169	12.09012	52.25528
O00267	SPT5H_HUMAN	SUPT5H	Transcription elongation factor SPT5	2	only in C3A	2.86E-02	0	45.12516	1	0	0	0	36.51751	32.45834	44.96179	66.563
P61011	SRP54_HUMAN	SRP54	Signal recognition particle 54 kDa protein	2	only in C3A	2.86E-02	0	45.55769	1	0	0	0	38.79985	17.01709	71.86096	54.55287
Q01085	TIAR_HUMAN	TIAL1	Nucleolysin TIAR	2	only in C3A	2.86E-02	0	52.73568	1	0	0	0	30.46829	58.92055	64.65119	56.90268
Q15819	UBE2V2_HUMAN	UBE2V2	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 2	2	only in C3A	2.86E-02	0	150.2757	1	0	0	0	124.4787	131.32	149.6435	195.6608
Q16763	UBE2S_HUMAN	UBE2S	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 S	2	only in C3A	2.86E-02	0	65.04303	1	0	0	0	30.76116	92.1123	35.26475	102.0339
O14562	UBFD1_HUMAN	UBFD1	Ubiquitin domain-containing protein UBFD1	2	only in C3A	2.86E-02	0	28.78603	1	0	0	0	28.37378	23.14205	26.47147	37.15682
Q9Y5J1	UTP18_HUMAN	UTP18	U3 small nucleolar RNA-associated protein 18 homolog	2	only in C3A	2.86E-02	0	37.94304	1	0	0	0	37.33249	41.37918	35.8037	37.25678
O00401	WASL_HUMAN	WASL	Neural Wiskott-Aldrich syndrome protein	2	only in C3A	2.86E-02	0	12.52185	1	0	0	0	14.60397	5.635362	19.33731	10.51073
Q6UXN9	WDR82_HUMAN	WDR82	WD repeat-containing protein 82	2	only in C3A	2.86E-02	0	47.72804	1	0	0	0	44.637	51.23957	43.22045	51.81515

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9HAV4	XPOS_HUMAN	XPOS	Exportin-5	2	only in C3A	2.86E-02	0	25.47469	1	0	0	0	16.4248	34.1432	24.37881	26.95194
Q96TA2	YME1L1_HUMAN	YME1L1	ATP-dependent zinc metalloprotease YME1L1	2	only in C3A	2.86E-02	0	34.19212	1	0	0	0	39.34539	39.65368	29.64866	28.10073
Q9NUQ8	ABCF3_HUMAN	ABCF3	ATP-binding cassette sub-family F member 3	1	only in C3A	2.86E-02	0	19.04879	1	0	0	0	24.90381	19.40563	12.62474	19.26097
P42025	ACTY_HUMAN	ACTR1B	Beta-centractin	1	only in C3A	2.86E-02	0	48.39837	1	0	0	0	56.2204	33.65756	61.03103	42.68447
P07311	ACYP1_HUMAN	ACYP1	Acylphosphatase-1	1	only in C3A	2.86E-02	0	22.55956	1	0	0	0	24.64124	17.54219	24.43227	23.60253
O00116	ADAS_HUMAN	AGPS	Alkylglyoxyacetonephosphate synthase, peroxisomal	1	only in C3A	2.86E-02	0	33.59313	1	0	0	0	30.62987	38.18686	39.09421	26.4596
Q6P4C2	ALKB5_HUMAN	ALKB5	RNA demethylase ALKB5	1	only in C3A	2.86E-02	0	21.84183	1	0	0	0	18.22846	21.16977	24.17259	23.79648
Q92747	ARC1A_HUMAN	ARPC1A	Actin-related protein 2/3 complex subunit 1A	1	only in C3A	2.86E-02	0	49.32352	1	0	0	0	41.79922	63.78683	51.85079	39.85724
O95816	BAG2_HUMAN	BAG2	BAG family molecular chaperone regulator 2	1	only in C3A	2.86E-02	0	70.26797	1	0	0	0	88.23382	59.25753	65.0407	68.53983
Q9N9Y4	CD027_HUMAN	C4orf27	UPF069 protein C4orf27	1	only in C3A	2.86E-02	0	13.0234	1	0	0	0	14.62316	12.48779	13.46486	11.51779
P42772	CDN2B_HUMAN	CDKN2B	Cyclin-dependent kinase 4 inhibitor B	1	only in C3A	2.86E-02	0	32.78149	1	0	0	0	39.02203	33.05299	20.82738	38.22356
Q92879	CELF1_HUMAN	CELF1	CUGBP Elav-like family member 1	1	only in C3A	2.86E-02	0	31.5257	1	0	0	0	32.84152	31.606	30.16037	31.4949
Q77K6	CENPV_HUMAN	CENPV	Centromere protein V	1	only in C3A	2.86E-02	0	42.90416	1	0	0	0	40.69844	41.86382	46.16851	42.88588
Q8WUX9	CHMP7_HUMAN	CHMP7	Charged multivesicular body protein 7	1	only in C3A	2.86E-02	0	18.25027	1	0	0	0	19.21815	21.24906	15.79429	16.73959
Q9Y375	CIA30_HUMAN	NDUFAF1	Complex I intermediate-associated protein 30, mitochondrial	1	only in C3A	2.86E-02	0	8.204282	1	0	0	0	7.747852	8.515482	8.36303	8.190763
Q8TCG1	CIP2A_HUMAN	KIAA1524	Protein CIP2A	1	only in C3A	2.86E-02	0	5.373045	1	0	0	0	6.201715	6.08631	1.813899	7.390336
P02458	CO2A1_HUMAN	COL2A1	Collagen alpha-1(I) chain	1	only in C3A	2.86E-02	0	9.163094	1	0	0	0	10.26045	9.403502	9.08859	7.899834
Q9UKF6	CPSF3_HUMAN	CPSF3	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 3	1	only in C3A	2.86E-02	0	14.70004	1	0	0	0	20.39972	16.49181	8.951116	12.95752
O75629	CREG1_HUMAN	CREG1	Protein CREG1	1	only in C3A	2.86E-02	0	25.60385	1	0	0	0	15.59265	18.16676	46.33653	22.31946
P19784	CSK22_HUMAN	CSNK2A2	Casein kinase II subunit alpha	1	only in C3A	2.86E-02	0	22.37555	1	0	0	0	11.30063	18.06765	33.70416	26.42976
Q13098	CSN1_HUMAN	GPS1	COP9 signalosome complex subunit 1	1	only in C3A	2.86E-02	0	27.23881	1	0	0	0	26.68121	35.30278	25.21129	21.75998
Q9H9Q2	CSN7B_HUMAN	COPS7B	COP9 signalosome complex subunit 7b	1	only in C3A	2.86E-02	0	368.0365	1	0	0	0	487.6744	409.3219	307.9428	267.2069
P61962	DCAF7_HUMAN	DCAF7	DDB1- and CUL4-associated factor 7	1	only in C3A	2.86E-02	0	28.99366	1	0	0	0	34.56843	28.03806	25.05854	28.3096
Q9NUU7	DD19A_HUMAN	DDX19A	ATP-dependent RNA helicase DDX19A	1	only in C3A	2.86E-02	0	33.07336	1	0	0	0	40.24399	34.08373	29.32789	28.63783
Q96HY6	DDRGK_HUMAN	DDRGK1	DDRGK domain-containing protein 1	1	only in C3A	2.86E-02	0	2.993772	1	0	0	0	1.554216	2.489629	4.009672	3.92157
P09417	DHPR_HUMAN	QDPR	Dihydropteridine reductase	1	only in C3A	2.86E-02	0	22.62826	1	0	0	0	25.65113	24.24217	19.62066	20.99909
Q14195	DPYL3_HUMAN	DPYSL3	Dihydropyrimidinase-related protein 3	1	only in C3A	2.86E-02	0	36.43594	1	0	0	0	41.17309	28.40476	44.00711	32.15882
P33316	DUT_HUMAN	DUT	Deoxyuridine 5-triphosphate nucleotidohydrolase, mitochondrial	1	only in C3A	2.86E-02	0	68.32361	1	0	0	0	68.32895	69.50544	49.00201	86.45805
Q9B944	EIF2A_HUMAN	EIF2A	Eukaryotic translation initiation factor 2A	1	only in C3A	2.86E-02	0	73.30502	1	0	0	0	81.59886	89.63456	62.41341	59.57325
O15371	EIF3D_HUMAN	EIF3D	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit D	1	only in C3A	2.86E-02	0	61.93763	1	0	0	0	56.16991	98.99049	46.80242	45.78771
Q9COB1	FTO_HUMAN	FTO	Alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase FTO	1	only in C3A	2.86E-02	0	10.36671	1	0	0	0	7.457005	11.14981	15.40478	7.455235
P23434	GCSH_HUMAN	GCSH	Glycine cleavage system H protein, mitochondrial	1	only in C3A	2.86E-02	0	39.84811	1	0	0	0	38.03234	32.90433	52.1792	36.27658
Q8TEQ6	GEM5_HUMAN	GEMIN5	Gem-associated protein 5	1	only in C3A	2.86E-02	0	32.91411	1	0	0	0	27.7214	55.46163	10.26476	38.20864

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P04062	GLCM_HUMAN	G8A	Glucosylceramidase	1	only in C3A	2.86E-02	0	30.67999	1	0	0	0	36.85077	22.22033	33.76526	29.8836
Q865X6	GLRX5_HUMAN	GLRX5	Glutaredoxin-related protein 5, mitochondrial	1	only in C3A	2.86E-02	0	20.51194	1	0	0	0	22.91433	18.31542	21.08706	19.73094
P36915	GNL1_HUMAN	GNL1	Guanine nucleotide-binding protein-like 1	1	only in C3A	2.86E-02	0	20.0674	1	0	0	0	21.26822	20.16877	20.07891	18.75371
Q9H4A6	GOLP3_HUMAN	GOLPH3	Golgi phosphoprotein 3	1	only in C3A	2.86E-02	0	3.44979	1	0	0	0	4.295049	4.226026	1.905549	3.372535
P28799	GRN_HUMAN	GRN	Granulins	1	only in C3A	2.86E-02	0	9.677961	1	0	0	0	7.447916	7.751348	18.31465	5.197927
Q981Y7	HGH1_HUMAN	HGH1	Protein HGH1 homolog	1	only in C3A	5.71E-02	0	2.842781	1	0	0	0	3.463407	0.694757	2.619271	4.59369
P26583	HMGB2_HUMAN	HMGB2	High mobility group protein B2	1	only in C3A	2.86E-02	0	53.71014	1	0	0	0	45.75798	34.6883	70.83754	63.55674
Q0VDF9	HSP7E_HUMAN	HSPA14	Heat shock 70 kDa protein 14	1	only in C3A	2.86E-02	0	47.4085	1	0	0	0	60.50232	47.94914	33.26882	47.91373
A6NMX2	IEI8_HUMAN	EIF4E1B	Eukaryotic translation initiation factor 4E type 1B	1	only in C3A	2.86E-02	0	22.69617	1	0	0	0	19.6019	19.81197	28.66343	22.70736
P54105	ICLN_HUMAN	CLNS1A	Methylosome subunit pICln	1	only in C3A	2.86E-02	0	102.6812	1	0	0	0	132.4972	121.9046	65.91137	90.4117
P53990	IST1_HUMAN	IST1	IST1 homolog	1	only in C3A	2.86E-02	0	15.75321	1	0	0	0	13.21942	13.50861	21.50712	14.77769
P17612	KAPCA_HUMAN	PRKACA	cAMP-dependent protein kinase catalytic subunit alpha	1	only in C3A	2.86E-02	0	8.810167	1	0	0	0	6.746044	10.37676	11.17362	6.944245
Q9H0B6	KLC2_HUMAN	KLC2	Kinesin light chain 2	1	only in C3A	2.86E-02	0	26.05293	1	0	0	0	26.62062	24.49985	25.98268	27.10859
Q60256	KPRB_HUMAN	PRPSAP2	Phosphoribosyl pyrophosphate synthase-associated protein 2	1	only in C3A	2.86E-02	0	12.78188	1	0	0	0	8.678968	17.38379	15.71028	9.354478
Q53H82	LACB2_HUMAN	LACTB2	Beta-lactamase-like protein 2	1	only in C3A	2.86E-02	0	10.36156	1	0	0	0	9.850437	12.85449	10.68482	8.056488
P43363	MAGAA_HUMAN	MAGEA10	Melanoma-associated antigen 10	1	only in C3A	2.86E-02	0	34.58717	1	0	0	0	32.1245	36.89844	36.01067	33.31507
A2A368	MAGBG_HUMAN	MAGEB16	Melanoma-associated antigen B16	1	only in C3A	2.86E-02	0	1161.264	1	0	0	0	1307.804	1162.554	873.7266	1300.974
Q9BX10	MAK16_HUMAN	MAK16	Protein MAK16 homolog	1	only in C3A	2.86E-02	0	18.67446	1	0	0	0	13.17902	24.79718	15.91649	20.80513
Q9UNW1	MINP1_HUMAN	MINPP1	Multiple inositol polyphosphate phosphatase 1	1	only in C3A	2.86E-02	0	37.88515	1	0	0	0	43.94018	26.64061	22.41598	58.54381
Q9HC36	MRM3_HUMAN	RNMTL1	rRNA methyltransferase 3, mitochondrial	1	only in C3A	2.86E-02	0	34.97826	1	0	0	0	40.73211	33.2413	29.94652	35.99311
Q7L0Y3	MRRP1_HUMAN	TRMT10C	Mitochondrial ribonuclease P protein 1	1	only in C3A	2.86E-02	0	19.38554	1	0	0	0	19.16765	18.7515	20.06364	19.55936
Q9BTC8	MTA3_HUMAN	MTA3	Metastasis-associated protein MTA3	1	only in C3A	2.86E-02	0	24.84514	1	0	0	0	21.68227	25.06477	23.30192	29.33158
O75431	MTX2_HUMAN	MTX2	Metaxin-2	1	only in C3A	2.86E-02	0	18.7352	1	0	0	0	13.56278	21.72148	26.95263	12.70389
Q9P032	NDUF4_HUMAN	NDUFA4	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex assembly factor 4	1	only in C3A	2.86E-02	0	11.52528	1	0	0	0	11.43192	10.97141	12.42616	11.27162
Q9BY18	NEUL_HUMAN	NLN	Neurolysin, mitochondrial	1	only in C3A	2.86E-02	0	48.80438	1	0	0	0	63.69357	44.02441	44.74794	42.75161
Q9G2T8	NIF3L_HUMAN	NIF3L1	NIF3-like protein 1	1	only in C3A	2.86E-02	0	190.3233	1	0	0	0	210.8711	317.0511	202.6221	30.74893
P46087	NOP2_HUMAN	NOP2	Probable 28S rRNA [cytosine(4447)-C(5)]-methyltransferase	1	only in C3A	2.86E-02	0	52.44981	1	0	0	0	64.23891	50.95216	46.97044	47.63772
P49790	NU153_HUMAN	NUP153	Nuclear pore complex protein Nup153	1	only in C3A	2.86E-02	0	12.15519	1	0	0	0	13.65367	12.2301	8.324843	14.41216
P35658	NU214_HUMAN	NUP214	Nuclear pore complex protein Nup214	1	only in C3A	2.86E-02	0	6.388501	1	0	0	0	6.507711	8.056605	5.770873	5.218614
Q9Y5Y2	NUBP2_HUMAN	NUBP2	Cytosolic Fe-S cluster assembly factor NUBP2	1	only in C3A	2.86E-02	0	9.986327	1	0	0	0	5.307966	6.975321	8.714354	18.94767
Q8WVJ2	NUDC2_HUMAN	NUDCD2	NudC domain-containing protein 2	1	only in C3A	2.86E-02	0	36.62087	1	0	0	0	32.80113	26.39284	39.89051	47.39901
Q8NFH5	NUP53_HUMAN	NUP35	Nucleoporin NUP53	1	only in C3A	2.86E-02	0	36.58671	1	0	0	0	36.91137	36.80924	32.94805	39.6782
Q99567	NUP88_HUMAN	NUP88	Nuclear pore complex protein Nup88	1	only in C3A	2.86E-02	0	18.21408	1	0	0	0	16.30967	23.36009	12.74694	20.43961

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9NPJ8	NXT2_HUMAN	NXT2	NTF2-related export protein 2	1	only in C33A	2.86E-02	0	25.35429	1	0	0	0	26.6518	21.69505	23.6838	29.97312
P12694	ODBA_HUMAN	BCKDHA	2-oxoisovalerate dehydrogenase subunit alpha, mitochondrial	1	only in C33A	2.86E-02	0	24.36327	1	0	0	0	23.87373	19.5642	33.30701	20.70816
O00330	ODPX_HUMAN	PDHX	Pyruvate dehydrogenase protein X component, mitochondrial	1	only in C33A	2.86E-02	0	23.37248	1	0	0	0	26.98418	19.58402	25.00508	21.91663
Q98XB5	OSB10_HUMAN	OSBPL10	Oxysterol-binding protein-related protein 10	1	only in C33A	2.86E-02	0	20.00962	1	0	0	0	25.97429	23.31054	15.2673	15.48636
Q9NWU1	OXSM_HUMAN	OXSM	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, mitochondrial	1	only in C33A	2.86E-02	0	11.91485	1	0	0	0	11.5834	10.05961	15.25203	10.76436
Q8NB37	PDCC1_HUMAN	PDCC1	Parkinson disease 7 domain-containing protein 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	22.17485	1	0	0	0	25.82281	19.90117	18.5896	24.3858
Q9UBV8	PEF1_HUMAN	PEF1	Peflin	1	only in C33A	2.86E-02	0	17.26233	1	0	0	0	15.01702	18.87043	18.13136	17.03052
Q8IZL8	PELP1_HUMAN	PELP1	Proline-, glutamic acid- and leucine-rich protein 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	20.61531	1	0	0	0	22.57097	22.31944	18.74999	18.82085
Q6Y7W6	PERQ2_HUMAN	GIGYF2	PERQ amino acid-rich with GYF domain-containing protein 2	1	only in C33A	2.86E-02	0	21.70878	1	0	0	0	18.97577	25.21344	17.57382	25.07209
P61758	PFD3_HUMAN	VBP1	Prefoldin subunit 3	1	only in C33A	2.86E-02	0	65.94707	1	0	0	0	84.42654	50.95216	67.54579	60.86378
Q12972	PP1R8_HUMAN	PPP1R8	Nuclear inhibitor of protein phosphatase 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	62.48424	1	0	0	0	64.2692	61.60642	61.48928	62.57206
P35813	PPM1A_HUMAN	PPM1A	Protein phosphatase 1A	1	only in C33A	2.86E-02	0	11.85711	1	0	0	0	15.43107	4.630392	15.90885	11.45812
Q27AL8	QRIC1_HUMAN	QRIC1	Glutamine-rich protein 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	16.70163	1	0	0	0	16.84491	13.72666	16.16089	20.07408
P20338	RAB4A_HUMAN	RAB4A	Ras-related protein Rab-4A	1	only in C33A	2.86E-02	0	18.06814	1	0	0	0	23.30819	18.44426	15.16802	15.35209
PS1151	RAB9A_HUMAN	RAB9A	Ras-related protein Rab-9A	1	only in C33A	2.86E-02	0	30.00396	1	0	0	0	32.61935	20.60485	30.65681	36.13484
Q15276	RABE1_HUMAN	RABEP1	Rab GTPase-binding effector protein 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	8.737886	1	0	0	0	8.208361	7.902986	8.523417	10.31678
Q3YEC7	RABL6_HUMAN	RABL6	Rab-like protein 6	1	only in C33A	2.86E-02	0	9.667616	1	0	0	0	8.939519	9.679027	11.22708	8.824838
Q96559	RANBP9_HUMAN	RANBP9	Ran-binding protein 9	1	only in C33A	2.86E-02	0	7.75848	1	0	0	0	6.330981	7.45402	6.723265	10.52565
Q15291	RBBP5_HUMAN	RBBP5	Retinoblastoma-binding protein 5	1	only in C33A	2.86E-02	0	7.663915	1	0	0	0	9.013241	7.52637	6.604121	7.511929
P15927	RFA2_HUMAN	RPA2	Replication protein A 32 kDa subunit	1	only in C33A	2.86E-02	0	76.60757	1	0	0	0	85.12337	63.53905	89.20566	68.56221
P35250	RFC2_HUMAN	RFC2	Replication factor C subunit 2	1	only in C33A	2.86E-02	0	38.41717	1	0	0	0	41.15289	40.12941	37.70619	34.6802
Q15382	RHEB_HUMAN	RHEB	GTP-binding protein Rheb	1	only in C33A	2.86E-02	0	28.04916	1	0	0	0	31.78114	34.98563	21.16343	24.26644
Q9Y250	RPAC2_HUMAN	POLR1D	DNA-directed RNA polymerases I and III subunit RPAC2	1	only in C33A	2.86E-02	0	17.44536	1	0	0	0	17.96589	17.70094	15.12219	18.99242
Q9NQ39	RS10L_HUMAN	RPS10P5	Putative 40S ribosomal protein S10-like	1	only in C33A	2.86E-02	0	91.93025	1	0	0	0	88.3752	138.7532	80.42257	60.17003
Q9Y6Y8	S23IP_HUMAN	SEC23IP	SEC23-interacting protein	1	only in C33A	2.86E-02	0	48.47002	1	0	0	0	52.80699	50.13946	41.97554	48.95808
Q14151	SAFB2_HUMAN	SAFB2	Scaffold attachment factor B2	1	only in C33A	2.86E-02	0	32.91693	1	0	0	0	32.36688	29.94096	29.46536	39.89454
Q9UJQ4	SALL4_HUMAN	SALL4	Sai-like protein 4	1	only in C33A	2.86E-02	0	6.766491	1	0	0	0	6.465296	8.605671	5.246942	6.748055
O14828	SCAM3_HUMAN	SCAMP3	Secretory carrier-associated membrane protein 3	1	only in C33A	2.86E-02	0	34.88986	1	0	0	0	48.03022	43.79646	20.10946	27.62331
Q9BRJ7	SDOS_HUMAN	NUDT16L1	Protein syndesmos	1	only in C33A	2.86E-02	0	8.73058	1	0	0	0	10.36144	8.376729	8.699079	7.485074
Q15427	SF3B4_HUMAN	SF3B4	Splicing factor 3B subunit 4	1	only in C33A	2.86E-02	0	12.25046	1	0	0	0	15.1786	11.76429	10.92158	11.13735
Q9Y3B4	SF3B6_HUMAN	SF3B6	Splicing factor 3B subunit 6	1	only in C33A	2.86E-02	0	29.60705	1	0	0	0	12.01765	31.16	36.7286	38.52195
Q15796	SMAD2_HUMAN	SMAD2	Mothers against decapentaplegic homolog 2	1	only in C33A	2.86E-02	0	31.65284	1	0	0	0	40.48637	30.20855	29.41954	26.49689
Q14683	SMC1A_HUMAN	SMC1A	Structural maintenance of chromosomes protein 1A	1	only in C33A	2.86E-02	0	35.69839	1	0	0	0	34.52803	28.6228	36.65986	42.98286

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

A6NHR9	SMHD1_HUMAN	SMCHD1	Structural maintenance of chromosomes flexible hinge domain-containing protein 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	16.08188	1	0	0	0	17.51144	18.01809	16.81771	11.9803
Q12824	SNF5_HUMAN	SMARCB1	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily B member 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	40.38816	1	0	0	0	45.65699	41.26916	30.42768	44.19879
Q8NB90	SPATS5_HUMAN	SPATA5	Spermatogenesis-associated protein 5	1	only in C33A	1.14E-01	0	2.47361	1	0	0	0	3.194272	4.292429	3.207738	0
O75940	SPF30_HUMAN	SMNDC1	Survival of motor neuron-related-splicing factor 30	1	only in C33A	2.86E-02	0	28.00865	1	0	0	0	24.62104	27.73082	22.65274	37.03001
Q13247	SRSF6_HUMAN	SRSF6	Serine/arginine-rich splicing factor 6	1	only in C33A	2.86E-02	0	32.23625	1	0	0	0	17.51144	24.20252	38.66088	48.57018
Q16563	SYPL1_HUMAN	SYPL1	Synaptophysin-like protein 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	80.16817	1	0	0	0	123.7111	88.54436	56.63184	51.78532
P10636	TAU_HUMAN	MAPT	Microtubule-associated protein tau	1	only in C33A	2.86E-02	0	27.99693	1	0	0	0	26.28736	26.70999	30.40477	28.58561
Q99426	TBCB_HUMAN	TBCB	Tubulin-folding cofactor B	1	only in C33A	2.86E-02	0	60.05905	1	0	0	0	108.0579	42.01249	41.99845	48.16736
Q9NYB0	TE2IP_HUMAN	TERF2IP	Telomeric repeat-binding factor 2-interacting protein 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	19.25421	1	0	0	0	18.36984	16.44225	19.45264	22.75212
O14925	TIM23_HUMAN	TIMM23	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim23	1	only in C33A	2.86E-02	0	33.40981	1	0	0	0	38.99173	32.23039	25.39459	37.02255
Q6ZVM7	TM1L2_HUMAN	TOM1L2	TOM1-like protein 2	1	only in C33A	2.86E-02	0	16.99946	1	0	0	0	21.4702	19.27678	8.99694	18.25391
Q8NFQ8	TOIP2_HUMAN	TOR1AIP2	Torsin-1A-interacting protein 2	1	only in C33A	2.86E-02	0	11.50438	1	0	0	0	6.916715	6.519418	11.42566	21.15574
Q02880	TOP2B_HUMAN	TOP2B	DNA topoisomerase 2-beta	1	only in C33A	2.86E-02	0	35.56769	1	0	0	0	28.90296	53.38034	37.98878	21.99869
Q96K85	TOPK_HUMAN	PBK	Lymphokine-activated killer T-cell-originated protein kinase	1	only in C33A	2.86E-02	0	72.17222	1	0	0	0	79.39731	71.22994	52.12574	85.93587
Q9Y2W1	TR150_HUMAN	THRAP3	Thyroid hormone receptor-associated protein 3	1	only in C33A	2.86E-02	0	67.65837	1	0	0	0	72.25741	76.79659	66.39253	55.18694
A6NH7	U119B_HUMAN	UNC119B	Protein unc-119 homolog B	1	only in C33A	2.86E-02	0	32.63409	1	0	0	0	47.51518	25.81801	26.37219	30.83099
O43818	U3IP2_HUMAN	RRP9	U3 small nucleolar RNA-interacting protein 2	1	only in C33A	2.86E-02	0	18.23675	1	0	0	0	8.105352	22.85463	19.39154	22.59547
Q8WVY7	UBCP1_HUMAN	UBLCP1	Ubiquitin-like domain-containing CTD phosphatase 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	17.54176	1	0	0	0	20.18764	15.67911	18.29174	16.00854
Q9C0C9	UBE2O_HUMAN	UBE2O	E2/E3 hybrid ubiquitin-protein ligase UBE2O	1	only in C33A	2.86E-02	0	13.18306	1	0	0	0	11.90457	11.65527	13.58706	15.58334
P51784	UBP11_HUMAN	USP11	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 11	1	only in C33A	2.86E-02	0	22.12913	1	0	0	0	23.12641	23.74662	18.41394	23.22954
Q92995	UBP13_HUMAN	USP13	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 13	1	only in C33A	2.86E-02	0	7.030705	1	0	0	0	8.445684	6.630421	4.505344	8.541369
Q13107	UBP4_HUMAN	USP4	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 4	1	only in C33A	2.86E-02	0	38.27751	1	0	0	0	43.80889	38.62294	33.223	37.45521
Q04323	UBXN1_HUMAN	UBXN1	UBX domain-containing protein 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	20.18904	1	0	0	0	17.21857	17.28468	19.66649	26.58641
P52758	UK114_HUMAN	HRSIP12	Ribonuclease UK114	1	only in C33A	2.86E-02	0	15.20121	1	0	0	0	14.09802	13.21129	19.61302	13.88252
Q9Y2W2	WBP11_HUMAN	WBP11	WW domain-binding protein 11	1	only in C33A	2.86E-02	0	22.85368	1	0	0	0	25.29767	22.8249	23.22555	20.06662
Q7Z2W4	ZCCHV_HUMAN	ZC3HAV1	Zinc finger CCCH-type antiviral protein 1	1	only in C33A	2.86E-02	0	28.36997	1	0	0	0	37.87076	29.30666	19.8727	26.42976
O75794	CD123_HUMAN	CDC123	Cell division cycle protein 123 homolog	3	only in C33A	1.14E-01	0	83.0406	1	0	0	0	102.3722	111.2404	0	118.5497
Q14008	CKAP5_HUMAN	CKAP5	Cytoskeleton-associated protein 5	3	only in C33A	2.86E-02	0	69.2916	1	0	0	0	18.21836	110.0908	100.5855	48.27179
P18858	DNL1_HUMAN	LIG1	DNA ligase 1	3	only in C33A	5.71E-02	0	29.48238	1	0	0	0	0.718938	30.02718	42.02976	45.15363
P35580	MYH10_HUMAN	MYH10	Myosin-10	3	only in C33A	2.86E-02	0	54.85343	1	0	0	0	13.64357	86.27575	86.92205	32.57233
O43423	AN32C_HUMAN	ANP32C	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member C	2	only in C33A	2.86E-02	0	110.83	1	0	0	0	38.34541	175.0768	188.6532	41.24474
O95671	ASML_HUMAN	ASMTL	N-acetylsertorin O-methyltransferase-like protein	2	only in C33A	5.71E-02	0	13.02755	1	0	0	0	21.16723	15.92094	0.47864	14.54338
Q9H078	CLPB_HUMAN	CLPB	Caseinolytic peptidase B protein homolog	2	only in C33A	1.14E-01	0	25.0749	1	0	0	0	30.94361	0	33.72096	35.63504

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q96C86	DCPS_HUMAN	DCPS	m7GpppX diphosphatase	2	only in C3A	2.86E-02	0	19.44228	1	0	0	0	9.969603	9.088334	35.30039	23.41081
Q9UJW0	DCTN4_HUMAN	DCTN4	Dynactin subunit 4	2	only in C3A	1.14E-01	0	21.88114	1	0	0	0	30.62987	25.91711	30.97758	0
Q7L2E3	DHX30_HUMAN	DHX30	Putative ATP-dependent RNA helicase DHX30	2	only in C3A	2.86E-02	0	6.443872	1	0	0	0	3.638623	12.03188	7.534365	2.570616
Q75937	DNJC8_HUMAN	DNAJC8	DnaJ homolog subfamily C member 8	2	only in C3A	2.86E-02	0	32.14639	1	0	0	0	27.39823	13.021	66.85842	21.30792
Q01780	EXOSX_HUMAN	EXOSC10	Exosome component 10	2	only in C3A	1.14E-01	0	46.41577	1	0	0	0	62.32012	0	65.23927	58.10369
P34059	GALNS_HUMAN	GALNS	N-acetylgalactosamine-6-sulfatase	2	only in C3A	1.14E-01	0	26.29853	1	0	0	0	40.52676	0	37.46179	27.20557
P22830	HEMH_HUMAN	FECH	Ferrochelatase, mitochondrial	2	only in C3A	1.14E-01	0	54.58152	1	0	0	0	57.32118	52.73613	108.2688	0
Q9P2K5	MYEF2_HUMAN	MYEF2	Myelin expression factor 2	2	only in C3A	1.14E-01	0	28.97844	1	0	0	0	30.87224	0	51.31617	33.72535
Q9ULX3	NOB1_HUMAN	NOB1	RNA-binding protein NOB1	2	only in C3A	1.14E-01	0	30.82283	1	0	0	0	45.83877	38.11749	0	39.33506
Q98ZE4	NOG1_HUMAN	GTPBP4	Nucleolar GTP-binding protein 1	2	only in C3A	2.86E-02	0	28.10885	1	0	0	0	44.20275	41.19979	2.259164	24.7737
Q13308	PTK7_HUMAN	PTK7	Inactive tyrosine-protein kinase 7	2	only in C3A	1.14E-01	0	39.56395	1	0	0	0	48.68665	47.45359	62.11555	0
P31350	RIR2_HUMAN	RRM2	Ribonucleoside-diphosphate reductase subunit M2	2	only in C3A	1.14E-01	0	42.18168	1	0	0	0	54.27637	77.48375	0	36.9666
P61313	RLI5_HUMAN	RPLI5	60S ribosomal protein L15	2	only in C3A	1.14E-01	0	92.69898	1	0	0	0	134.1938	120.0314	116.5707	0
Q6P5R6	RL2L_HUMAN	RPL2L1	60S ribosomal protein L22-like 1	2	only in C3A	2.86E-02	0	65.76883	1	0	0	0	33.27072	24.21243	127.1906	78.40157
Q9UNX3	RL2L_HUMAN	RPL2L1	60S ribosomal protein L26-like 1	2	only in C3A	2.86E-02	0	36.92486	1	0	0	0	26.25605	79.31034	36.01831	6.114725
P48431	SOX2_HUMAN	SOX2	Transcription factor SOX-2	2	only in C3A	1.14E-01	0	11.43271	1	0	0	0	14.36867	12.49076	18.87143	0
Q9Y5B9	SP16H_HUMAN	SUPT16H	FACT complex subunit SPT16	2	only in C3A	2.86E-02	0	39.20089	1	0	0	0	42.28901	78.86137	29.97707	5.676094
O00762	UBE2C_HUMAN	UBE2C	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 C	2	only in C3A	1.14E-01	0	58.75557	1	0	0	0	80.97273	76.27461	0	77.77495
Q9NQH7	XPP3_HUMAN	XPNPPE3	Probable Xaa-Pro aminopeptidase 3	2	only in C3A	2.86E-02	0	27.05842	1	0	0	0	10.56746	6.303359	57.85384	33.50902
P10316	1A69_HUMAN	HLA-A	HLA class I histocompatibility antigen, A-69 alpha chain	1	only in C3A	1.14E-01	0	20.81166	1	0	0	0	44.6572	19.8318	18.75763	0
Q8I283	A16A1_HUMAN	ALDH16A1	Aldehyde dehydrogenase family 16 member A1	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.99123	1	0	0	0	23.88383	0	23.0117	13.06941
Q6PD74	AAGAB_HUMAN	AAGAB	Alpha- and gamma-adaptin-binding protein p34	1	only in C3A	1.14E-01	0	28.48656	1	0	0	0	46.82846	34.78741	0	32.33039
Q8NFV4	ABHDB_HUMAN	ABHD11	Alpha/beta hydrolase domain-containing protein 11	1	only in C3A	1.14E-01	0	2.761421	1	0	0	0	0	4.180436	2.022402	4.842845
Q9NYB9	ABI2_HUMAN	ABI2	Abl interactor 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	15.68189	1	0	0	0	23.82323	18.8407	20.06364	0
Q4G176	ACSF3_HUMAN	ACSF3	Acyl-CoA synthetase family member 3, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	8.693024	1	0	0	0	0	9.06653	18.62779	7.077774
Q16186	ADRM1_HUMAN	ADRM1	Proteasomal ubiquitin receptor ADRM1	1	only in C3A	1.14E-01	0	20.18336	1	0	0	0	0	27.10643	19.51374	34.11326
P22570	ADRO_HUMAN	FDXR	NADPH:adrenodoxin oxidoreductase, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.73187	1	0	0	0	20.17754	0	33.35283	5.397101
P00352	ALI1A1_HUMAN	ALDH1A1	Retinal dehydrogenase 1	1	only in C3A	2.86E-02	0	61.80766	1	0	0	0	34.13418	40.99166	28.28155	143.8232
Q9H8Y5	ANKZ1_HUMAN	ANKZF1	Ankyrin repeat and zinc finger domain-containing protein 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.24937	1	0	0	0	0	20.41654	14.03767	22.54325
Q9UJX3	APC7_HUMAN	ANAPC7	Anaphase-promoting complex subunit 7	1	only in C3A	1.14E-01	0	2.878974	1	0	0	0	2.845861	3.874187	0	4.795848
P04114	APOB_HUMAN	APOB	Apolipoprotein B-100	1	only in C3A	1.14E-01	0	37.01474	1	0	0	0	119.8736	19.49482	0	8.690564
O15143	ARCB1_HUMAN	ARPC1B	Actin-related protein 2/3 complex subunit 1B	1	only in C3A	1.14E-01	0	16.69548	1	0	0	0	27.75169	0	24.40172	14.62849
Q9NV19	ARMC1_HUMAN	ARMC1	Armadillo repeat-containing protein 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	21.35956	1	0	0	0	32.09421	25.05486	28.28919	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q7L266	ASGL1_HUMAN	ASRGL1	Isoaspartyl peptidase/L-asparaginase	1	only in C3A	1.14E-01	0	12.06033	1	0	0	0	17.875	0	16.25254	14.11377
Q8WYN0	ATG4A_HUMAN	ATG4A	Cysteine protease ATG4A	1	only in C3A	1.14E-01	0	10.07195	1	0	0	0	18.14767	13.28066	8.859466	0
P46379	BAG6_HUMAN	BAG6	Large proline-rich protein BAG6	1	only in C3A	1.14E-01	0	12.67019	1	0	0	0	17.38015	0	14.12168	19.17892
Q9Y276	BCS1_HUMAN	BCS1L	Mitochondrial chaperone BCS1	1	only in C3A	1.14E-01	0	6.019196	1	0	0	0	5.014088	9.05761	10.00509	0
Q9Y4D6	BIG1_HUMAN	ARFGEF1	Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 1	1	only in C3A	3.43E-01	0	0.811289	1	0	0	0	0	0.111201	2.343176	0.790779
Q96K17	BT3L4_HUMAN	BTFL4	Transcription factor BTFL4 homolog 4	1	only in C3A	1.14E-01	0	23.76233	1	0	0	0	0	23.87546	48.4292	22.74466
Q9Y376	CAB39_HUMAN	CAB39	Calcium-binding protein 39	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.948307	1	0	0	0	18.10727	13.78612	0	7.899834
P40123	CAP2_HUMAN	CAP2	Adenylyl cyclase-associated protein 2	1	only in C3A	2.86E-02	0	4.703999	1	0	0	0	2.67822	7.690891	6.773673	1.673213
P83916	CBX1_HUMAN	CBX1	Chromobox protein homolog 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	59.33155	1	0	0	0	0	88.33623	73.27389	75.71607
Q8NEF3	CC112_HUMAN	CCDC112	Coiled-coil domain-containing protein 112	1	only in C3A	2.86E-02	0	31.3268	1	0	0	0	15.74414	65.33293	22.17921	22.00591
Q96C17	CC124_HUMAN	CCDC124	Coiled-coil domain-containing protein 124	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.426775	1	0	0	0	0	9.531353	12.51781	15.65793
Q8IX12	CCAR1_HUMAN	CCAR1	Cell division cycle and apoptosis regulator protein 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	13.4725	1	0	0	0	22.03573	13.57799	0	18.27629
P24941	CDK2_HUMAN	CDK2	Cyclin-dependent kinase 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	10.6477	1	0	0	0	12.25329	12.87431	0	17.46318
P11802	CDK4_HUMAN	CDK4	Cyclin-dependent kinase 4	1	only in C3A	1.14E-01	0	39.77757	1	0	0	0	57.06871	50.85305	0	51.18854
P42771	CDN2A_HUMAN	CDKN2A	Cyclin-dependent kinase inhibitor 2A	1	only in C3A	1.14E-01	0	81.16032	1	0	0	0	99.9889	96.04694	0	128.6054
Q9BXW7	CECR5_HUMAN	CECR5	Cat eye syndrome critical region protein 5	1	only in C3A	1.14E-01	0	35.47841	1	0	0	0	26.8226	47.45359	67.63744	0
Q968P2	CHCH1_HUMAN	CHCHD1	Coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain-containing protein 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	5.214916	1	0	0	0	8.242697	10.72364	1.893329	0
Q8IWX8	CHERP_HUMAN	CHERP	Calcium homeostasis endoplasmic reticulum protein	1	only in C3A	1.14E-01	0	25.2339	1	0	0	0	0	27.19563	36.88898	36.85097
Q9NZ33	CHMP5_HUMAN	CHMP5	Charged multivesicular body protein 5	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.18038	1	0	0	0	0	14.06363	21.61404	21.04385
O76071	CIAO1_HUMAN	CIAO1	Probable cytosolic iron-sulfur protein assembly protein CIAO1	1	only in C3A	1.14E-01	0	12.61686	1	0	0	0	16.57224	15.82778	0	18.06742
O75746	CMC1_HUMAN	SLC25A12	Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aralar1	1	only in C3A	1.14E-01	0	13.04614	1	0	0	0	15.62295	15.61965	20.94194	0
Q9UJ50	CMC2_HUMAN	SLC25A13	Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aralar2	1	only in C3A	1.14E-01	0	8.469386	1	0	0	0	13.74456	7.240935	12.89205	0
Q9NZN8	CNOT2_HUMAN	CNOT2	CCR4-NOT transcription complex subunit 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	16.83573	1	0	0	0	24.72203	18.53346	0	24.08741
Q8IUB	CRLF3_HUMAN	CRLF3	Cytokine receptor-like factor 3	1	only in C3A	1.14E-01	0	18.70261	1	0	0	0	28.98375	21.14995	0	24.67672
O75718	CRTAP_HUMAN	CRTAP	Cartilage-associated protein	1	only in C3A	1.14E-01	0	13.37043	1	0	0	0	23.71214	16.90807	12.8615	0
Q8WYA6	CTBL1_HUMAN	CTNBL1	Beta-catenin-like protein 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	12.51817	1	0	0	0	20.99555	0	13.1059	15.97124
P61803	DAD1_HUMAN	DAD1	Dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase subunit DAD1	1	only in C3A	1.14E-01	0	54.61378	1	0	0	0	92.32386	70.43707	0	55.6942
Q9UHG0	DCDC2_HUMAN	DCDC2	Doublecortin domain-containing protein 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	11.76453	1	0	0	0	12.09845	15.06463	0	19.89505
Q9NP16	DCP1A_HUMAN	DCP1A	mRNA-decapping enzyme 1A	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.91695	1	0	0	0	0	12.46797	15.77901	11.42082
P32321	DCTD_HUMAN	DCTD	Deoxycytidylate deaminase	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.49189	1	0	0	0	0	19.84171	16.63441	21.49143
Q9UH16	DDX20_HUMAN	DDX20	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX20	1	only in C3A	2.86E-02	0	3.379355	1	0	0	0	6.42591	3.621789	1.643584	1.826137
Q9UJV9	DDX41_HUMAN	DDX41	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX41	1	only in C3A	1.14E-01	0	7.294132	1	0	0	0	0	10.21818	10.3946	8.563749
O14531	DPYL4_HUMAN	DPYSL4	Dihydropyrimidinase-related protein 4	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.123714	1	0	0	0	7.420649	0	17.4669	11.60731

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9BP06	DPYL5_HUMAN	DPYLS5	Dihydropyrimidinase-related protein 5	1	only in C3A	1.14E-01	0	25.09646	1	0	0	0	33.58884	0	42.10538	24.69164
Q8TD57	DYH3_HUMAN	DNAH3	Dynein heavy chain 3, axonemal	1	only in C3A	3.43E-01	0	0.719136	1	0	0	0	0.974036	0	0.617948	1.284562
P00374	DYR_HUMAN	DHFR	Dihydrofolate reductase	1	only in C3A	1.14E-01	0	19.48549	1	0	0	0	0	23.77305	21.00304	33.16588
O60869	EDF1_HUMAN	EDF1	Endothelial differentiation-related factor 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	36.48914	1	0	0	0	27.56991	65.74919	52.63745	0
P68104	EF1A1_HUMAN	EEF1A1	Elongation factor 1-alpha 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	51.03294	1	0	0	0	0	45.04523	47.78765	111.2989
P49770	EI2B8_HUMAN	EIF2B2	Translation initiation factor eIF-2B subunit beta	1	only in C3A	1.14E-01	0	10.17414	1	0	0	0	0	14.2222	3.326882	23.14748
Q9NR50	EI2B3_HUMAN	EIF2B3	Translation initiation factor eIF-2B subunit gamma	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.84564	1	0	0	0	21.64188	0	20.27748	17.46318
Q9HC35	EMAL4_HUMAN	EML4	Echinoderm microtubule-associated protein-like 4	1	only in C3A	1.14E-01	0	4.674017	1	0	0	0	0	11.98233	3.589611	3.124127
Q16134	ETFD_HUMAN	ETFDH	Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	10.16577	1	0	0	0	0	5.847456	23.12626	11.68937
Q9NPD3	EXOS4_HUMAN	EXOSC4	Exosome complex component RRP41	1	only in C3A	1.14E-01	0	37.80644	1	0	0	0	56.2608	49.41596	0	45.549
Q96ND0	F210A_HUMAN	FAM210A	Protein FAM210A	1	only in C3A	3.43E-01	0	0.788739	1	0	0	0	0	0.818148	1.745926	0.590884
O95302	FKBP9_HUMAN	FKBP9	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP9	1	only in C3A	1.14E-01	0	16.12134	1	0	0	0	25.49964	0	18.64307	20.34263
O75955	FLOT1_HUMAN	FLOT1	Flotillin-1	1	only in C3A	1.14E-01	0	3.256261	1	0	0	0	3.074096	6.000085	3.950864	0
Q14254	FLOT2_HUMAN	FLOT2	Flotillin-2	1	only in C3A	1.14E-01	0	10.71294	1	0	0	0	20.38962	10.19836	0	12.26377
Q01167	FOXK2_HUMAN	FOXK2	Forkhead box protein K2	1	only in C3A	1.14E-01	0	11.06709	1	0	0	0	13.06794	17.55228	13.64816	0
PS1116	FXR2_HUMAN	FXR2	Fragile X mental retardation syndrome-related protein 2	1	only in C3A	6.86E-01	0	0.445097	1	0	0	0	0.185516	0	0.9417	0.653172
Q96CU9	FXRD1_HUMAN	FOXRED1	FAD-dependent oxidoreductase domain-containing protein 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	6.159406	1	0	0	0	0	6.737459	12.04429	5.855873
P60520	GBRL2_HUMAN	GABARAPL2	Gamma-aminobutyric acid receptor-associated protein-like 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.33457	1	0	0	0	27.13566	19.02901	11.17362	0
P23378	GCSP_HUMAN	GLDC	Glycine dehydrogenase (decarboxylating), mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	31.90476	1	0	0	0	37.75967	0	47.74183	42.11753
O14908	GIPC1_HUMAN	GIPC1	PDZ domain-containing protein GIPC1	1	only in C3A	6.86E-01	0	0.429573	1	0	0	0	0.827905	0.315168	0	0.575218
Q9BVP2	GNL3_HUMAN	GNL3	Guanine nucleotide-binding protein-like 3	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.25134	1	0	0	0	0	32.35923	12.46817	12.17798
Q86SQ4	GP126_HUMAN	GPR126	G-protein coupled receptor 126	1	only in C3A	1.14E-01	0	15.97095	1	0	0	0	37.27493	15.38178	11.22708	0
Q8N335	GPD1L_HUMAN	GPD1L	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase 1-like protein	1	only in C3A	1.14E-01	0	6.00718	1	0	0	0	8.638573	6.759263	0	8.630886
Q9HCN4	GPN1_HUMAN	GPN1	GPN-loop GTPase 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	16.94996	1	0	0	0	0	28.54351	15.2062	24.05011
Q969Y2	GTPB3_HUMAN	GTPBP3	tRNA modification GTPase GTPBP3, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	2.288017	1	0	0	0	1.329011	3.05257	0	4.770485
P10412	H14_HUMAN	HIST1H1E	Histone H1.4	1	only in C3A	2.86E-02	0	340.2291	1	0	0	0	49.87831	786.5324	498.6505	25.85536
Q9BY41	HDAC8_HUMAN	HDAC8	Histone deacetylase 8	1	only in C3A	1.14E-01	0	0.8089044	1	0	0	0	13.4113	6.656189	12.28869	0
Q9NQE9	HINT3_HUMAN	HINT3	Histidine triad nucleotide-binding protein 3	1	only in C3A	1.14E-01	0	5.205984	1	0	0	0	4.025409	9.16564	7.632888	0
O15347	HMG83_HUMAN	HMG83	High mobility group protein B3	1	only in C3A	1.14E-01	0	21.50477	1	0	0	0	27.7012	0	27.15121	31.16667
Q2TAA2	IAH1_HUMAN	IAH1	Isoamyl acetate-hydrolyzing esterase 1 homolog	1	only in C3A	1.14E-01	0	7.631277	1	0	0	0	9.591906	10.10916	0	10.82404
Q9Y547	IFT25_HUMAN	HSPB11	Intraflagellar transport protein 25 homolog	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.96649	1	0	0	0	24.30798	17.42344	0	18.13456
Q70UQ0	IKIP_HUMAN	IKBP	Inhibitor of nuclear factor kappa-B kinase-interacting protein	1	only in C3A	6.86E-01	0	0.264678	1	0	0	0	0.497773	0.260162	0	0.300776
P26440	IVD_HUMAN	IVD	Isovaleryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	10.23215	1	0	0	0	0	9.980319	21.38492	9.56335

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q14012	KCC1A_HUMAN	CAMK1	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase type 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.1829	1	0	0	0	21.68227	0	12.33452	22.71482
P52732	KIF11_HUMAN	KIF11	Kinesin-like protein KIF11	1	only in C3A	1.14E-01	0	3.100194	1	0	0	0	3.65983	3.228985	5.511963	0
Q02241	KIF23_HUMAN	KIF23	Kinesin-like protein KIF23	1	only in C3A	1.14E-01	0	17.508	1	0	0	0	33.67973	19.91108	0	16.4412
O00139	KIF2A_HUMAN	KIF2A	Kinesin-like protein KIF2A	1	only in C3A	1.14E-01	0	15.41351	1	0	0	0	22.52048	19.20741	19.92616	0
Q71RC2	LARP4_HUMAN	LARP4	La-related protein 4	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.268434	1	0	0	0	11.50261	18.25596	7.315169	0
Q8TCA0	LRC20_HUMAN	LRRC20	Leucine-rich repeat-containing protein 20	1	only in C3A	1.14E-01	0	16.55271	1	0	0	0	25.27747	0	17.71129	23.22208
Q9H9A6	LRC40_HUMAN	LRRC40	Leucine-rich repeat-containing protein 40	1	only in C3A	1.14E-01	0	4.274215	1	0	0	0	9.783784	0	3.699591	3.613484
P43361	MAGA8_HUMAN	MAGEA8	Melanoma-associated antigen 8	1	only in C3A	3.43E-01	0	0.246666	1	0	0	0	0.289232	0.19693	0.200025	0.300477
P53582	MAP11_HUMAN	METAP1	Methionine aminopeptidase 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	20.96834	1	0	0	0	34.98248	0	24.99744	23.89346
Q98TE3	MCM8P_HUMAN	MCM8P	Mini-chromosome maintenance complex-binding protein	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.99403	1	0	0	0	20.17754	21.32835	0	18.47025
Q13257	MDL21_HUMAN	MAD2L1	Mitotic spindle assembly checkpoint protein MAD2A	1	only in C3A	1.14E-01	0	27.33046	1	0	0	0	19.74329	58.6926	30.88593	0
Q8N6R0	MET13_HUMAN	METL13	Methyltransferase-like protein 13	1	only in C3A	1.14E-01	0	10.22022	1	0	0	0	14.85544	15.76831	10.25712	0
Q9BUR5	MIC26_HUMAN	APOO	MICOS complex subunit MIC26	1	only in C3A	1.14E-01	0	22.12655	1	0	0	0	27.54971	27.70108	0	33.25539
Q99797	MIPPEP_HUMAN	MIPPEP	Mitochondrial intermediate peptidase	1	only in C3A	1.14E-01	0	8.366044	1	0	0	0	14.14852	12.48779	0	6.827874
P40692	MLH1_HUMAN	MLH1	DNA mismatch repair protein Mlh1	1	only in C3A	1.14E-01	0	15.86287	1	0	0	0	24.63114	0	18.91038	19.90997
Q96176	MMS19_HUMAN	MMS19	MMS19 nucleotide excision repair protein homolog	1	only in C3A	2.86E-02	0	4.799745	1	0	0	0	1.167429	2.505486	10.4557	5.070366
Q9NZW5	MPP6_HUMAN	MPP6	MAGUK p55 subfamily member 6	1	only in C3A	1.14E-01	0	25.82799	1	0	0	0	0	73.51937	14.99999	14.79261
O95297	MPZL1_HUMAN	MPZL1	Myelin protein zero-like protein 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	2.419722	1	0	0	0	5.137295	3.034731	0	1.506862
Q9NV56	MRGBP_HUMAN	MRGBP	MRG/MORF4L-binding protein	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.426605	1	0	0	0	9.562619	0	13.70926	14.43454
Q9UKD2	MRT4_HUMAN	MRT04	mRNA turnover protein 4 homolog	1	only in C3A	1.14E-01	0	18.84819	1	0	0	0	24.16659	34.8667	16.35946	0
Q86U44	MTA70_HUMAN	METL3	N6-adenosine-methyltransferase 70 kDa subunit	1	only in C3A	1.14E-01	0	12.48899	1	0	0	0	18.58192	0	14.99999	16.37407
Q9BV57	MTND_HUMAN	ADI1	1,2-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentane dioxigenase	1	only in C3A	1.14E-01	0	6.953979	1	0	0	0	7.074258	11.17954	9.562113	0
Q15742	NAB2_HUMAN	NAB2	NGF-A-binding protein 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	3.972671	1	0	0	0	4.706073	8.014979	0	3.169631
Q9NX02	NALP2_HUMAN	NLRP2	NACHT, LRR and PYD domains-containing protein 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.3079	1	0	0	0	16.56215	21.16977	0	19.49969
Q9HCD5	NCOA5_HUMAN	NCOA5	Nuclear receptor coactivator 5	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.667292	1	0	0	0	8.765818	17.69103	12.21232	0
O00746	NDKM_HUMAN	NME4	Nucleoside diphosphate kinase, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	11.27273	1	0	0	0	17.8144	0	13.62525	13.65127
Q92979	NEP1_HUMAN	EMG1	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase NEP1	1	only in C3A	1.14E-01	0	12.75909	1	0	0	0	0	23.20152	19.02494	8.809919
Q96JN8	NEUL4_HUMAN	NEURL4	Neutralized-like protein 4	1	only in C3A	1.14E-01	0	4.245536	1	0	0	0	6.707669	5.867278	0	4.407197
Q9Y221	NIP7_HUMAN	NIP7	60S ribosome subunit biogenesis protein NIP7 homolog	1	only in C3A	1.14E-01	0	17.60724	1	0	0	0	32.04371	0	12.07484	26.3104
O75323	NIPS2_HUMAN	G8A5	Protein NipSnap homolog 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	28.36439	1	0	0	0	30.52888	0	53.80598	29.12271
Q9H8H0	NOL11_HUMAN	NOL11	Nucleolar protein 11	1	only in C3A	1.14E-01	0	18.00168	1	0	0	0	27.18616	27.15598	0	17.6646
Q14249	NUCG_HUMAN	ENDOG	Endonuclease G, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	6.485443	1	0	0	0	8.584039	9.086352	8.271381	0
Q9BV12	NUPL1_HUMAN	NUPL1	Nucleoporin p58/p45	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.98863	1	0	0	0	21.45	20.22823	0	18.27629

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P29803	ODPAT_HUMAN	PDHA2	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, testis-specific form, mitochondrial	1	only in C33A	1.14E-01	0	42.05944	1	0	0	0	0	38.3157	72.91493	57.00711
Q81YS1	P20D2_HUMAN	PM20D2	Peptidase M20 domain-containing protein 2	1	only in C33A	1.14E-01	0	2.445581	1	0	0	0	3.00477	0	4.835283	1.940271
Q98RP4	PAAF1_HUMAN	PAAF1	Proteasomal ATPase-associated factor 1	1	only in C33A	1.14E-01	0	12.79503	1	0	0	0	0	16.44225	16.58095	18.15694
Q9UKS6	PACN3_HUMAN	PACN3	Protein kinase C and casein kinase substrate in neurons protein 3	1	only in C33A	1.14E-01	0	4.584743	1	0	0	0	6.629908	5.037732	6.671331	0
Q9BVG4	PBDC1_HUMAN	PBDC1	Protein PBDC1	1	only in C33A	1.14E-01	0	20.07666	1	0	0	0	29.4988	22.38882	28.41903	0
Q8WW12	PCNP_HUMAN	PCNP	PEST proteolytic signal-containing nuclear protein	1	only in C33A	1.14E-01	0	2.157606	1	0	0	0	4.650529	0.489799	0.474134	3.015961
P42785	PCP_HUMAN	PRCP	Lysosomal Pro-X carboxypeptidase	1	only in C33A	1.14E-01	0	6.276415	1	0	0	0	0	5.058545	10.7001	9.347018
Q53EL6	PDCD4_HUMAN	PDCD4	Programmed cell death protein 4	1	only in C33A	1.14E-01	0	23.19288	1	0	0	0	28.50911	0	46.66495	17.59746
O43924	PDE6D_HUMAN	PDE6D	Retinal rod rhodopsin-sensitive cGMP 3,5-cyclic phosphodiesterase subunit delta	1	only in C33A	1.14E-01	0	20.8084	1	0	0	0	20.00586	0	32.9786	30.24913
Q13951	PEBB_HUMAN	CBFB	Core-binding factor subunit beta	1	only in C33A	1.14E-01	0	20.04606	1	0	0	0	18.54152	0	24.49337	37.14936
Q81WS0	PHF6_HUMAN	PHF6	PHD finger protein 6	1	only in C33A	6.86E-01	0	0.301202	1	0	0	0	0.342958	0	0.469246	0.392605
Q99755	PI5TA_HUMAN	PIPK1A	Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase type-1 alpha	1	only in C33A	1.14E-01	0	6.68009	1	0	0	0	7.651913	11.51652	7.551931	0
Q13526	PINI_HUMAN	PINI	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase NIMA-interacting 1	1	only in C33A	1.14E-01	0	26.61615	1	0	0	0	0	34.78741	37.36251	34.31467
P19174	PLCG1_HUMAN	PLCG1	1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase gamma-1	1	only in C33A	1.14E-01	0	9.217989	1	0	0	0	12.08835	0	16.45111	8.332497
POCG39	POTEJ_HUMAN	POTEJ	POTE ankyrin domain family member J	1	only in C33A	3.43E-01	0	0.653078	1	0	0	0	0.751457	0.737473	0.568304	0.555077
Q96QC0	PP1RA_HUMAN	PPP1R10	Serine/threonine-protein phosphatase 1 regulatory subunit 10	1	only in C33A	1.14E-01	0	6.101229	1	0	0	0	0	8.063543	8.531055	7.810318
O43447	PIIH_HUMAN	PIIH	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase H	1	only in C33A	1.14E-01	0	14.15815	1	0	0	0	0	20.43636	16.09979	20.09646
Q968P3	PPWD1_HUMAN	PPWD1	Peptidylprolyl isomerase domain and WD repeat-containing protein 1	1	only in C33A	1.14E-01	0	14.6334	1	0	0	0	17.52154	20.23814	20.77392	0
O43242	PSMD3_HUMAN	PSMD3	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3	1	only in C33A	1.14E-01	0	24.24898	1	0	0	0	0	32.09163	36.74387	28.16041
Q969U7	PSMG2_HUMAN	PSMG2	Proteasome assembly chaperone 2	1	only in C33A	1.14E-01	0	4.800143	1	0	0	0	8.227549	0	4.574081	6.39894
Q98173	PSMG3_HUMAN	PSMG3	Proteasome assembly chaperone 3	1	only in C33A	1.14E-01	0	19.72363	1	0	0	0	29.65028	0	20.62881	28.61545
Q9UKA9	PTBP2_HUMAN	PTBP2	Polypyrimidine tract-binding protein 2	1	only in C33A	1.14E-01	0	117.1066	1	0	0	0	0	177.4059	144.9592	146.0611
Q06124	PTN11_HUMAN	PTPN11	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11	1	only in C33A	1.14E-01	0	22.18599	1	0	0	0	34.18467	0	29.76322	24.79608
Q13610	PWP1_HUMAN	PWP1	Periodic typtophan protein 1 homolog	1	only in C33A	1.14E-01	0	28.84702	1	0	0	0	35.32584	36.36325	0	43.69899
Q96PUB	QKI_HUMAN	QKI	Protein quaking	1	only in C33A	1.14E-01	0	74.35992	1	0	0	0	159.1582	78.09823	60.18327	0
Q9NP90	RAB9B_HUMAN	RAB9B	Ras-related protein Rab-9B	1	only in C33A	1.14E-01	0	15.67808	1	0	0	0	21.03594	21.16977	20.50661	0
O60216	RAD21_HUMAN	RAD21	Double-strand-break repair protein rad21 homolog	1	only in C33A	1.14E-01	0	9.960239	1	0	0	0	14.46158	12.3193	13.06007	0
Q81Y67	RAVR1_HUMAN	RAVER1	Ribonucleoprotein PTB-binding 1	1	only in C33A	1.14E-01	0	24.23066	1	0	0	0	0	23.98448	34.81159	38.12658
Q96137	RBM15_HUMAN	RBM15	Putative RNA-binding protein 15	1	only in C33A	1.14E-01	0	4.821242	1	0	0	0	5.899759	4.640303	8.744904	0
Q14257	RCN2_HUMAN	RCN2	Reticulocalbin-2	1	only in C33A	3.43E-01	0	0.505423	1	0	0	0	0	0.531227	1.209012	0.281455
O43251	RFOX2_HUMAN	RBFOX2	RNA binding protein fox-1 homolog 2	1	only in C33A	1.14E-01	0	14.38105	1	0	0	0	21.66207	15.96653	19.89561	0
Q68EM7	RHG17_HUMAN	ARHGAP17	Rho GTPase-activating protein 17	1	only in C33A	1.14E-01	0	4.067785	1	0	0	0	3.551772	3.875179	8.844191	0
O76021	RL1D1_HUMAN	RSL1D1	Ribosomal L1 domain-containing protein 1	1	only in C33A	1.14E-01	0	11.9884	1	0	0	0	19.6524	18.39471	0	9.906497

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9BYD3	RM04_HUMAN	MRPL4	39S ribosomal protein L4, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	68.96213	1	0	0	0	0	64.43104	112.5763	98.84117
Q7Z7H8	RM10_HUMAN	MRPL10	39S ribosomal protein L10, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	4.612194	1	0	0	0	4.46774	5.007008	8.974028	0
Q9BYD1	RM13_HUMAN	MRPL13	39S ribosomal protein L13, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	21.84073	1	0	0	0	33.0637	23.01321	0	31.28603
Q7Z2W9	RM21_HUMAN	MRPL21	39S ribosomal protein L21, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	16.20139	1	0	0	0	25.44915	26.0856	0	13.27083
Q96A35	RM24_HUMAN	MRPL24	39S ribosomal protein L24, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	43.75247	1	0	0	0	51.73651	0	57.12064	66.15272
Q9BRJ2	RM45_HUMAN	MRPL45	39S ribosomal protein L45, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	44.16128	1	0	0	0	0	65.72937	53.40883	57.50691
Q9HD33	RM47_HUMAN	MRPL47	39S ribosomal protein L47, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.171188	1	0	0	0	0	9.515496	14.46537	12.70389
P19387	RPB3_HUMAN	POLR2C	DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB3	1	only in C3A	1.14E-01	0	22.64759	1	0	0	0	37.56779	29.71301	23.30956	0
P49247	RPIA_HUMAN	RPIA	Ribose-S-phosphate isomerase	1	only in C3A	1.14E-01	0	14.12576	1	0	0	0	16.35007	17.4829	0	22.67006
P62841	RS15_HUMAN	RPS15	40S ribosomal protein S15	1	only in C3A	1.14E-01	0	8.881246	1	0	0	0	0	16.16475	8.110994	11.24924
P22090	RS4Y1_HUMAN	RPS4Y1	40S ribosomal protein S4, Y isoform 1	1	only in C3A	3.43E-01	0	0.802527	1	0	0	0	1.265388	0.677314	0	1.267405
Q9Y3D3	RT16_HUMAN	MRPS16	28S ribosomal protein S16, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	13.37447	1	0	0	0	18.794	18.46409	0	16.23979
Q9Y676	RT18B_HUMAN	MRPS18B	28S ribosomal protein S18b, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	7.431806	1	0	0	0	10.17966	7.885146	11.66242	0
Q96QD8	S3B2_HUMAN	SLC38A2	Sodium-coupled neutral amino acid transporter 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	24.12664	1	0	0	0	29.58969	31.86368	0	35.05318
Q15437	SC23B_HUMAN	SEC23B	Protein transport protein Sec23B	1	only in C3A	1.14E-01	0	6.77426	1	0	0	0	10.82599	10.97141	5.299641	0
Q94I5	SCLY_HUMAN	SCLY	Selenocysteine lyase	1	only in C3A	1.14E-01	0	2.81701	1	0	0	0	2.255077	4.567953	4.445008	0
Q8NBX0	SCPDL_HUMAN	SCCPDH	Saccharopine dehydrogenase-like oxidoreductase	1	only in C3A	3.43E-01	0	3.798563	1	0	0	0	0.981004	5.11702	9.096228	0
Q6P3W7	SCYL2_HUMAN	SCYL2	SCY1-like protein 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	11.9119	1	0	0	0	18.64251	14.34113	14.66394	0
Q96EE3	SEH1_HUMAN	SEH1L	Nucleoporin SEH1	1	only in C3A	1.14E-01	0	28.80562	1	0	0	0	44.637	44.74791	25.83756	0
O95754	SEM4F_HUMAN	SEMA4F	Semaphorin-4F	1	only in C3A	1.14E-01	0	19.87432	1	0	0	0	18.02648	40.97184	20.49897	0
Q14141	SEPT6_HUMAN	SEPT6	Septin-6	1	only in C3A	1.14E-01	0	35.11698	1	0	0	0	40.6126	39.85686	0	59.99846
Q15428	SF3A2_HUMAN	SF3A2	Splicing factor 3A subunit 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	29.56983	1	0	0	0	0	46.57152	40.92157	30.78623
O95104	SFR15_HUMAN	SCAF4	Splicing factor, arginine/serine-rich 15	1	only in C3A	1.14E-01	0	10.03592	1	0	0	0	0	11.09034	13.0448	16.00854
P63208	SKP1_HUMAN	SKP1	S-phase kinase-associated protein 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	40.85225	1	0	0	0	0	28.23628	60.05343	75.11929
O43290	SNUT1_HUMAN	SART1	U4/U6.U5 tri-snRNP-associated protein 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	12.89766	1	0	0	0	0	13.44915	17.94806	20.19344
Q8WW59	SPRY4_HUMAN	SPRYD4	SPRY domain-containing protein 4	1	only in C3A	1.14E-01	0	20.12489	1	0	0	0	24.70183	0	26.56312	29.23461
Q7KZ85	SPT6H_HUMAN	SUPT6H	Transcription elongation factor SPT6	1	only in C3A	1.14E-01	0	12.54753	1	0	0	0	17.11758	17.1162	0	15.95632
Q05519	SRS11_HUMAN	SRSF11	Serine/arginine-rich splicing factor 11	1	only in C3A	1.14E-01	0	13.21853	1	0	0	0	17.75381	11.85349	0	23.26684
Q9NP77	SSU72_HUMAN	SSU72	RNA polymerase II subunit A C-terminal domain phosphatase SSU72	1	only in C3A	1.14E-01	0	17.16824	1	0	0	0	25.18658	25.89729	17.58909	0
Q13043	STK4_HUMAN	STK4	Serine/threonine-protein kinase 4	1	only in C3A	1.14E-01	0	17.08377	1	0	0	0	26.41864	0	16.03869	25.87774
O43815	STRN_HUMAN	STRN	Striatin	1	only in C3A	1.14E-01	0	16.15747	1	0	0	0	17.34986	0	27.57891	19.7011
Q8IX01	SUGP2_HUMAN	SUGP2	SURP and G-patch domain-containing protein 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	7.833311	1	0	0	0	9.921129	0	13.25865	8.153464
Q5J729	SYAM_HUMAN	AARS2	Alanine-tRNA ligase, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.662706	1	0	0	0	10.47253	0	15.83248	12.34582

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9Y285	SYFA_HUMAN	FARSA	Phenylalanine--tRNA ligase alpha subunit	1	only in C3A	1.14E-01	0	42.88879	1	0	0	0	52.76659	0	79.81157	38.97699
Q9Y224	SYIM_HUMAN	YARS2	Tyrosine--tRNA ligase, mitochondrial	1	only in C3A	1.14E-01	0	7.113015	1	0	0	0	8.192203	11.11017	9.14969	0
P29083	T2EA_HUMAN	GTF2E1	General transcription factor IIE subunit 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.997014	1	0	0	0	0	14.10327	15.36659	10.51819
Q8WU44	TF3C2_HUMAN	GTF3C2	General transcription factor 3C polypeptide 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	4.716741	1	0	0	0	10.34124	0	5.577645	2.948078
Q96J01	THOC3_HUMAN	THOC3	THO complex subunit 3	1	only in C3A	1.14E-01	0	29.43182	1	0	0	0	38.10303	36.46236	0	43.16189
Q9P016	THYN1_HUMAN	THYN1	Thymocyte nuclear protein 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	12.56436	1	0	0	0	0	14.96552	19.23115	16.06076
Q99595	TI17A_HUMAN	TIMM17A	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim17-A	1	only in C3A	1.14E-01	0	26.9572	1	0	0	0	37.13354	33.5981	0	37.09714
Q60830	TI17B_HUMAN	TIMM17B	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim17-B	1	only in C3A	1.14E-01	0	10.49069	1	0	0	0	11.9436	12.73556	17.2836	0
Q727H5	TMED4_HUMAN	TMED4	Transmembrane emp24 domain-containing protein 4	1	only in C3A	1.14E-01	0	34.35465	1	0	0	0	45.66709	41.59623	50.15527	0
Q9NS69	TOM22_HUMAN	TOMM22	Mitochondrial import receptor subunit TOM22 homolog	1	only in C3A	1.14E-01	0	13.19712	1	0	0	0	0	17.37388	16.81007	18.60452
P11388	TOP2A_HUMAN	TOP2A	DNA topoisomerase 2-alpha	1	only in C3A	1.14E-01	0	11.00143	1	0	0	0	7.105564	23.58804	13.31211	0
Q9UJA5	TRM6_HUMAN	TRMT6	tRNA (adenine[58]-N(1))-methyltransferase non-catalytic subunit TRM6	1	only in C3A	1.14E-01	0	3.18809	1	0	0	0	4.257683	4.529301	3.965375	0
Q96FX7	TRM61_HUMAN	TRMT61A	tRNA (adenine[58]-N(1))-methyltransferase catalytic subunit TRM61A	1	only in C3A	1.14E-01	0	13.33066	1	0	0	0	17.33976	20.18859	15.79429	0
P04818	TYSY_HUMAN	TYMS	Thymidylate synthase	1	only in C3A	1.14E-01	0	46.32118	1	0	0	0	63.56228	56.53202	0	65.19042
P49427	UBR1_HUMAN	CDC34	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 R1	1	only in C3A	1.14E-01	0	29.46341	1	0	0	0	45.04096	31.12036	0	41.69233
Q5T6F2	UBAP2_HUMAN	UBAP2	Ubiquitin-associated protein 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	17.14338	1	0	0	0	25.0452	21.35808	0	22.17026
Q9Y4E8	UBP15_HUMAN	USP15	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 15	1	only in C3A	1.14E-01	0	1.930228	1	0	0	0	2.584301	3.597672	0	1.538938
Q92575	UBXN4_HUMAN	UBXN4	UBX domain-containing protein 4	1	only in C3A	1.14E-01	0	29.35908	1	0	0	0	0	40.08976	37.36251	39.98405
Q98ZK2	UCK2_HUMAN	UCK2	Uridine-cytidine kinase 2	1	only in C3A	1.14E-01	0	28.82998	1	0	0	0	46.00035	0	19.71995	49.59962
Q9Y3C8	UFC1_HUMAN	UFC1	Ubiquitin-fold modifier-conjugating enzyme 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	30.51399	1	0	0	0	45.05105	34.64866	0	42.35624
Q96188	UHRF1_HUMAN	UHRF1	E3 ubiquitin-protein ligase UHRF1	1	only in C3A	1.14E-01	0	11.6634	1	0	0	0	0	15.10428	13.87728	17.67206
P13051	UNG_HUMAN	UNG	Uracil-DNA glycosylase	1	only in C3A	1.14E-01	0	6.618578	1	0	0	0	0	10.684	6.905801	8.884516
Q9BVJ6	UT14A_HUMAN	UTP14A	U3 small nucleolar RNA-associated protein 14 homolog A	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.449221	1	0	0	0	9.861546	11.51652	0	16.41882
Q5TAP6	UT14C_HUMAN	UTP14C	U3 small nucleolar RNA-associated protein 14 homolog C	1	only in C3A	1.14E-01	0	9.40204	1	0	0	0	9.989801	14.63846	0	12.9799
Q9UN37	VPS4A_HUMAN	VPS4A	Vacuolar protein sorting-associated protein 4A	1	only in C3A	1.14E-01	0	29.86453	1	0	0	0	43.85939	0	31.17616	44.42258
Q725K2	WAPL_HUMAN	WAPAL	Wings apart-like protein homolog	1	only in C3A	1.14E-01	0	4.822338	1	0	0	0	0	5.903948	6.429223	6.956181
O75717	WDHD1_HUMAN	WDHD1	WD repeat and HMG-box DNA-binding protein 1	1	only in C3A	1.14E-01	0	13.45207	1	0	0	0	20.12705	17.94872	0	15.73253
Q9BV38	WDR18_HUMAN	WDR18	WD repeat-containing protein 18	1	only in C3A	1.14E-01	0	24.86333	1	0	0	0	23.65155	44.3812	31.42055	0
Q58KZ1	ZN326_HUMAN	ZNF326	DBIRD complex subunit ZNF326	1	only in C3A	1.14E-01	0	29.77676	1	0	0	0	33.65953	0	39.91342	45.53408
O43264	ZW10_HUMAN	ZW10	Centromere/kinetochore protein zw10 homolog	1	only in C3A	1.14E-01	0	6.685742	1	0	0	0	9.594935	10.01005	7.13798	0
Q04695	K1C17_HUMAN	KRT17	Keratin, type I cytoskeletal 17	25	only in HCK.IT	2.86E-02	16616.84	0	12236.2	18651.61	17875.48	17704.05	1	0	0	0
Q09666	AHNAK_HUMAN	AHNAK	Neuroblast differentiation-associated protein AHNAK	22	only in HCK.IT	2.86E-02	1480.728	0	2246.048	599.4708	848.5718	2228.823	1	0	0	0
P15924	DESP_HUMAN	DSP	Desmoplakin	19	only in HCK.IT	2.86E-02	723.4673	0	988.1781	402.5708	590.5107	912.6095	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P08727	K1C19_HUMAN	KRT19	Keratin, type I cytoskeletal 19	18	only in HCKIT	2.86E-02	25010.45	0	19083.58	33717.4	31898.51	15342.31	1	0	0	0
Q14764	MVP_HUMAN	MVP	Major vault protein	16	only in HCKIT	2.86E-02	975.0673	0	626.6197	1064.751	1184.353	1024.545	1	0	0	0
P08729	K2C7_HUMAN	KRT7	Keratin, type II cytoskeletal 7	16	only in HCKIT	2.86E-02	16118.14	0	13667.63	20776.82	21180.07	8848.061	1	0	0	0
P20591	MX1_HUMAN	MX1	Interferon-induced GTP-binding protein Mx1	14	only in HCKIT	2.86E-02	1921.351	0	1160.262	2731.474	2718.763	1074.904	1	0	0	0
Q9Y6N5	SQRD_HUMAN	SQRDL	Sulfide:quinone oxidoreductase, mitochondrial	14	only in HCKIT	2.86E-02	1826.455	0	1233.764	2017.747	2222.803	1831.508	1	0	0	0
P12429	ANXA3_HUMAN	ANXA3	Annexin A3	14	only in HCKIT	2.86E-02	2242.758	0	2372.639	2233.191	1946.16	2419.044	1	0	0	0
P16144	ITB4_HUMAN	ITGB4	Integrin beta-4	12	only in HCKIT	2.86E-02	689.11	0	517.0065	793.8288	844.7276	600.8772	1	0	0	0
O00151	PDUI1_HUMAN	PDUI1	PDZ and LIM domain protein 1	12	only in HCKIT	2.86E-02	2001.49	0	1759.044	2618.059	2395.608	1233.251	1	0	0	0
P36952	SPB5_HUMAN	SERPINB5	Serpin B5	12	only in HCKIT	2.86E-02	3110.204	0	2772.241	2278.355	2168.411	5221.81	1	0	0	0
P05787	K2C8_HUMAN	KRT8	Keratin, type II cytoskeletal 8	12	only in HCKIT	2.86E-02	3962.348	0	3921.532	4395.543	4360.105	3172.214	1	0	0	0
P21980	TGM2_HUMAN	TGM2	Protein-glutamine gamma-glutamyltransferase 2	11	only in HCKIT	2.86E-02	2510.252	0	2690.79	2346.314	2557.706	2446.198	1	0	0	0
P19971	TYPH_HUMAN	TYMP	Thymidine phosphorylase	10	only in HCKIT	2.86E-02	876.4329	0	303.9984	1173.042	1277.385	751.3057	1	0	0	0
P05783	K1C18_HUMAN	KRT18	Keratin, type I cytoskeletal 18	10	only in HCKIT	2.86E-02	1754.184	0	1958.565	1719.154	1698.964	1640.051	1	0	0	0
P37802	TAGL2_HUMAN	TAGLN2	Transgelin-2	10	only in HCKIT	2.86E-02	2505.785	0	2974.651	2365.762	2318.654	2364.073	1	0	0	0
P02751	FN1_HUMAN	FN1	Fibronectin	9	only in HCKIT	2.86E-02	510.8674	0	840.1459	319.5781	360.1776	523.5679	1	0	0	0
Q5V179	AXA81_HUMAN	ANXA8L1	Annexin A8-like protein 1	8	only in HCKIT	2.86E-02	630.8423	0	678.1546	654.2161	740.4984	450.5001	1	0	0	0
P09382	LEG1_HUMAN	LGALS1	Galectin-1	8	only in HCKIT	2.86E-02	4283.435	0	5158.525	4130.12	3799.313	4045.783	1	0	0	0
P14923	PLAK_HUMAN	JUP	Junction plakoglobin	7	only in HCKIT	2.86E-02	184.3991	0	184.6012	207.7005	215.1935	130.1013	1	0	0	0
P09914	IFIT1_HUMAN	IFIT1	Interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 1	7	only in HCKIT	2.86E-02	350.3343	0	273.7363	487.5576	509.3623	130.681	1	0	0	0
Q13753	LAMC2_HUMAN	LAMC2	Laminin subunit gamma-2	7	only in HCKIT	2.86E-02	238.2637	0	318.908	130.988	186.0918	317.0673	1	0	0	0
Q13751	LAMB3_HUMAN	LAMB3	Laminin subunit beta-3	7	only in HCKIT	2.86E-02	510.3907	0	368.977	561.7475	500.6824	610.1558	1	0	0	0
P47895	AL1A3_HUMAN	ALDH1A3	Aldehyde dehydrogenase family 1 member A3	7	only in HCKIT	2.86E-02	777.4002	0	1455.908	487.0752	511.4077	655.2102	1	0	0	0
P31947	I433S_HUMAN	SFN	I4-3-3 protein sigma	7	only in HCKIT	2.86E-02	1274.755	0	1508.882	941.0745	882.329	1766.733	1	0	0	0
P02538	K2C6A_HUMAN	KRT6A	Keratin, type II cytoskeletal 6A	7	only in HCKIT	2.86E-02	2163.944	0	1970.668	2090.009	2115.105	2479.996	1	0	0	0
Q01813	PFKAP_HUMAN	PFKP	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, platelet type	6	only in HCKIT	2.86E-02	143.2427	0	131.6003	86.60314	175.4554	179.3121	1	0	0	0
P07203	GPX1_HUMAN	GPX1	Glutathione peroxidase 1	6	only in HCKIT	2.86E-02	388.8012	0	194.2751	553.6329	491.8514	315.4455	1	0	0	0
P17301	ITA2_HUMAN	ITGA2	Integrin alpha-2	6	only in HCKIT	2.86E-02	168.9231	0	216.0716	150.3847	157.9712	151.265	1	0	0	0
Q9Y446	PKP3_HUMAN	PKP3	Plakophilin-3	6	only in HCKIT	2.86E-02	174.5463	0	232.8418	136.526	196.0383	132.779	1	0	0	0
Q9H223	EHD4_HUMAN	EHD4	EH domain-containing protein 4	6	only in HCKIT	2.86E-02	218.18	0	270.4741	134.0344	228.4682	239.7433	1	0	0	0
Q6XQN6	PNCB_HUMAN	NAPRT	Nicotinate phosphoribosyltransferase	5	only in HCKIT	2.86E-02	162.2313	0	140.0684	144.6453	161.8638	202.3479	1	0	0	0
Q9COC2	TB182_HUMAN	TNKS1BP1	182 kDa tankyrase-1-binding protein	5	only in HCKIT	2.86E-02	139.1674	0	144.4768	94.9889	176.9317	140.2722	1	0	0	0
P48449	ERG7_HUMAN	LSS	Lanosterol synthase	4	only in HCKIT	2.86E-02	86.66954	0	69.48443	31.67063	117.5059	128.0172	1	0	0	0
P11498	PYC_HUMAN	PC	Pyruvate carboxylase, mitochondrial	4	only in HCKIT	2.86E-02	103.313	0	80.04113	124.5803	158.407	50.22354	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9Y2T3	GUAD_HUMAN	GDA	Guanine deaminase	4	only in HCKIT	2.86E-02	163.6788	0	84.6324	193.3321	195.5453	181.2054	1	0	0	0
Q43795	MYO1B_HUMAN	MYO1B	Unconventional myosin-1b	4	only in HCKIT	2.86E-02	161.1254	0	116.4249	67.94768	202.5977	257.5314	1	0	0	0
P12532	KCRU_HUMAN	CKMT1A	Creatine kinase U-type, mitochondrial	4	only in HCKIT	2.86E-02	399.6557	0	211.5367	603.7751	593.3948	189.916	1	0	0	0
O14879	IFIT3_HUMAN	IFIT3	Interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 3	4	only in HCKIT	2.86E-02	253.7689	0	245.649	340.7412	326.8352	101.8502	1	0	0	0
Q6NZI2	Ptrf_HUMAN	Ptrf	Polymerase I and transcript release factor	4	only in HCKIT	2.86E-02	424.9651	0	352.094	599.2376	589.942	158.5667	1	0	0	0
P35222	CTNB1_HUMAN	CTNFB1	Catenin beta-1	3	only in HCKIT	2.86E-02	51.56233	0	50.10122	56.11571	78.20745	21.82493	1	0	0	0
Q96CX2	KCD12_HUMAN	KCTD12	BTB/POZ domain-containing protein KCTD12	3	only in HCKIT	2.86E-02	82.43241	0	112.5828	45.07636	58.01082	114.0597	1	0	0	0
Q9NZM1	MYOF_HUMAN	MYOF	Myoferlin	3	only in HCKIT	2.86E-02	124.8146	0	117.6332	82.2724	141.821	157.532	1	0	0	0
O14896	IRF6_HUMAN	IRF6	Interferon regulatory factor 6	3	only in HCKIT	2.86E-02	111.8893	0	120.2671	145.4643	145.0315	36.79439	1	0	0	0
P29590	PML_HUMAN	PML	Protein PML	3	only in HCKIT	2.86E-02	153.9359	0	123.2957	187.9445	188.0661	116.4373	1	0	0	0
P52895	AK1C2_HUMAN	AKR1C2	Aldo-keto reductase family 1 member C2	3	only in HCKIT	2.86E-02	248.2001	0	129.3369	309.1591	320.1312	234.1735	1	0	0	0
Q9NR12	PDLI7_HUMAN	PDLIM7	PDZ and LIM domain protein 7	3	only in HCKIT	2.86E-02	120.5473	0	134.5886	54.18583	140.0068	153.4078	1	0	0	0
P43304	GPDH_HUMAN	GPD2	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial	3	only in HCKIT	2.86E-02	196.134	0	139.482	238.0983	255.7972	151.1586	1	0	0	0
P30740	ILEU_HUMAN	SERPINB1	Leukocyte elastase inhibitor	3	only in HCKIT	2.86E-02	180.8329	0	153.9122	147.7388	159.5187	262.1619	1	0	0	0
P21291	CSRP1_HUMAN	CSRP1	Cysteine and glycine-rich protein 1	3	only in HCKIT	2.86E-02	195.6252	0	177.9721	183.3956	162.0532	259.0798	1	0	0	0
P05161	ISG15_HUMAN	ISG15	Ubiquitin-like protein ISG15	3	only in HCKIT	2.86E-02	301.2841	0	231.7383	297.9934	361.8673	313.5375	1	0	0	0
P40121	CAPG_HUMAN	CAPG	Macrophage-capping protein	3	only in HCKIT	2.86E-02	365.2939	0	243.8045	459.1035	441.7289	316.5389	1	0	0	0
P17931	LEG3_HUMAN	LGALS3	Galectin-3	3	only in HCKIT	2.86E-02	331.1169	0	304.1998	359.6689	386.5195	274.0793	1	0	0	0
Q03135	CAV1_HUMAN	CAV1	Caveolin-1	3	only in HCKIT	2.86E-02	281.7979	0	315.098	362.8624	330.1005	119.1305	1	0	0	0
P31949	S10A9_HUMAN	S100A11	Protein S100-A11	3	only in HCKIT	2.86E-02	398.4787	0	532.5953	119.7097	444.8416	496.7683	1	0	0	0
P41219	PER1_HUMAN	PRPH	Peripherin	3	only in HCKIT	2.86E-02	663.2202	0	774.4585	436.3355	465.0026	977.0841	1	0	0	0
Q9Y394	DHRS7_HUMAN	DHRS7	Dehydrogenase/reductase SDR family member 7	2	only in HCKIT	2.86E-02	24.91709	0	6.468051	33.88768	36.6225	22.69012	1	0	0	0
Q9Y5P6	GMPPB_HUMAN	GMPPB	Mannose-1-phosphate guanyltransferase beta	2	only in HCKIT	2.86E-02	24.49344	0	12.79112	20.11435	32.02379	33.0445	1	0	0	0
Q13217	DNJC3_HUMAN	DNJC3	DnaJ homolog subfamily C member 3	2	only in HCKIT	2.86E-02	42.95385	0	23.91487	23.8822	63.4624	60.55591	1	0	0	0
Q03154	ACY1_HUMAN	ACY1	Aminoacylase-1	2	only in HCKIT	2.86E-02	37.24701	0	33.29878	52.34786	45.89819	17.44321	1	0	0	0
Q9NZN4	EHD2_HUMAN	EHD2	EH domain-containing protein 2	2	only in HCKIT	2.86E-02	31.20835	0	35.3125	19.21834	54.27565	16.02691	1	0	0	0
Q13642	FHL1_HUMAN	FHL1	Four and a half LIM domains protein 1	2	only in HCKIT	2.86E-02	56.42796	0	53.33927	58.78077	48.48613	65.10567	1	0	0	0
Q9NZ08	ERAP1_HUMAN	ERAP1	Endoplasmic reticulum aminopeptidase 1	2	only in HCKIT	2.86E-02	54.49519	0	53.35538	36.5987	79.63037	48.39629	1	0	0	0
P06702	S10A9_HUMAN	S100A9	Protein S100-A9	2	only in HCKIT	2.86E-02	121.3342	0	56.83508	116.4128	109.0226	203.0663	1	0	0	0
P16930	FAAH_HUMAN	FAH	Fumarylacetoacetase	2	only in HCKIT	2.86E-02	65.91397	0	59.01795	67.0172	64.36952	73.25122	1	0	0	0
P20592	MX2_HUMAN	MX2	Interferon-induced GTP-binding protein Mx2	2	only in HCKIT	2.86E-02	72.45905	0	64.50331	85.2706	112.162	27.90033	1	0	0	0
Q8WWM9	CYGB_HUMAN	CYGB	Cytoglobin	2	only in HCKIT	2.86E-02	44.11913	0	66.93587	14.35919	45.05332	50.12814	1	0	0	0
Q92530	PSMF1_HUMAN	PSMF1	Proteasome inhibitor P131 subunit	2	only in HCKIT	2.86E-02	49.00543	0	67.03253	23.18147	44.34186	61.46586	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P35268	RL22_HUMAN	RPL22	60S ribosomal protein L22	2	only in HCKIT	2.86E-02	142.2487	0	75.3532	129.5773	123.91	240.1542	1	0	0	0
O15231	ZNF185_HUMAN	ZNF185	Zinc finger protein 185	2	only in HCKIT	2.86E-02	81.02213	0	93.04167	83.66237	98.84874	48.53572	1	0	0	0
Q98W04	SARG_HUMAN	SARG	Specifically androgen-regulated gene protein	2	only in HCKIT	2.86E-02	77.57472	0	95.49035	70.13028	71.19955	73.47871	1	0	0	0
Q16787	LAMA3_HUMAN	LAMA3	Laminin subunit alpha-3	2	only in HCKIT	2.86E-02	61.25814	0	96.1589	44.58241	34.28357	70.00768	1	0	0	0
P26006	ITA3_HUMAN	ITGA3	Integrin alpha-3	2	only in HCKIT	2.86E-02	99.76683	0	109.4172	97.1715	95.86949	96.60913	1	0	0	0
P01040	CYTA_HUMAN	CSTA	Cystatin-A	2	only in HCKIT	2.86E-02	101.9797	0	120.8148	117.8028	101.8547	67.4466	1	0	0	0
P13928	ANXA8_HUMAN	ANXA8	Annexin A8	2	only in HCKIT	2.86E-02	124.7317	0	126.5177	170.8514	126.2371	75.32063	1	0	0	0
Q56VL3	OCAD2_HUMAN	OCAD2	OCIA domain-containing protein 2	2	only in HCKIT	2.86E-02	126.7004	0	143.7134	147.5665	130.0997	85.42184	1	0	0	0
P00533	EGFR_HUMAN	EGFR	Epidermal growth factor receptor	2	only in HCKIT	2.86E-02	101.1196	0	144.8666	113.943	124.4169	21.25181	1	0	0	0
Q9HCY8	S10A6_HUMAN	S100A14	Protein S100-A14	2	only in HCKIT	2.86E-02	119.8901	0	172.6962	91.57716	96.54538	118.7415	1	0	0	0
P05109	S10A8_HUMAN	S100A8	Protein S100-A8	2	only in HCKIT	2.86E-02	365.9072	0	249.8617	343.8164	245.899	624.0517	1	0	0	0
Q96FQ6	S10A9_HUMAN	S100A16	Protein S100-A16	2	only in HCKIT	2.86E-02	194.4456	0	274.1068	120.1692	161.4485	222.0579	1	0	0	0
P29034	S10A2_HUMAN	S100A2	Protein S100-A2	2	only in HCKIT	2.86E-02	1861.531	0	2583.193	1319.552	1369.031	2174.347	1	0	0	0
Q14533	KRT81_HUMAN	KRT81	Keratin, type II cuticular Hb1	1	only in HCKIT	5.71E-02	1.203028	0	1.304887	1.093366	1.449604	0.944257	1	0	0	0
P18827	SDC1_HUMAN	SDC1	Syndecan-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	2.445375	0	3.500641	3.25092	3.029938	0	1	0	0	0
Q9BQE5	APOL2_HUMAN	APOL2	Apolipoprotein L2	1	only in HCKIT	2.86E-02	6.406147	0	3.689125	9.496593	9.462443	2.976427	1	0	0	0
P02787	TRFE_HUMAN	TF	Serotransferrin	1	only in HCKIT	2.86E-02	8.669054	0	6.029062	10.08475	9.50691	9.0555	1	0	0	0
Q8IZW8	TNS4_HUMAN	TNS4	Tensin-4	1	only in HCKIT	2.86E-02	9.019541	0	6.854685	11.40234	11.3656	6.45553	1	0	0	0
P58107	EPIPL_HUMAN	EPPK1	Epiplakin	1	only in HCKIT	2.86E-02	10.18349	0	10.55992	14.08349	14.48714	1.603425	1	0	0	0
Q27J81	INF2_HUMAN	INF2	Inverted formin-2	1	only in HCKIT	2.86E-02	7.440733	0	11.7762	3.292275	4.714324	9.98013	1	0	0	0
O14957	QCR10_HUMAN	UQCR11	Cytochrome b-c1 complex subunit 10	1	only in HCKIT	2.86E-02	15.97001	0	13.28246	18.49463	17.86659	14.23636	1	0	0	0
Q8IVF2	AHNK2_HUMAN	AHNAK2	Protein AHNK2	1	only in HCKIT	2.86E-02	16.90668	0	13.60466	15.03694	12.36165	26.62346	1	0	0	0
P02792	FRIL_HUMAN	FTL	Ferritin light chain	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.35312	0	14.57929	31.34898	43.30135	52.18287	1	0	0	0
P23497	SP100_HUMAN	SP100	Nuclear autoantigen Sp-100	1	only in HCKIT	2.86E-02	21.50007	0	15.70697	25.53638	26.06619	18.69073	1	0	0	0
P52789	HXK2_HUMAN	HK2	Hexokinase-2	1	only in HCKIT	2.86E-02	24.56709	0	16.19832	22.66454	29.93476	29.47074	1	0	0	0
P49354	FNTA_HUMAN	FNTA	Protein farnesyltransferase/geranylgeranyltransferase type-1 subunit alpha	1	only in HCKIT	2.86E-02	14.29952	0	16.29498	16.27758	13.71343	10.9121	1	0	0	0
O15427	MOT4_HUMAN	SLC16A3	Monocarboxylate transporter 4	1	only in HCKIT	2.86E-02	15.79844	0	17.04408	19.40214	14.14031	12.60725	1	0	0	0
Q13492	PICAL_HUMAN	PICALM	Phosphatidylinositol-binding clathrin assembly protein	1	only in HCKIT	2.86E-02	15.25908	0	17.326	12.73947	16.76382	14.20701	1	0	0	0
Q9P206	K1522_HUMAN	KIAA1522	Uncharacterized protein KIAA1522	1	only in HCKIT	2.86E-02	19.58326	0	17.37433	22.58413	23.72725	14.64731	1	0	0	0
Q98ZK7	TBL1R_HUMAN	TBL1XR1	F-box-like/WD repeat-containing protein TBL1XR1	1	only in HCKIT	2.86E-02	16.63962	0	18.59867	15.35859	19.28951	13.31173	1	0	0	0
Q92947	GCDH_HUMAN	GCDH	Glutaryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	1	only in HCKIT	2.86E-02	29.06787	0	19.18667	37.19604	37.90313	21.98564	1	0	0	0
Q9H910	HNTL_HUMAN	HNTL	Hematological and neurological expressed 1-like protein	1	only in HCKIT	2.86E-02	21.97965	0	21.08762	23.02065	23.38042	20.42991	1	0	0	0
Q9UQB8	BAIP2_HUMAN	BAIP2	Brain-specific angiogenesis inhibitor 1-associated protein 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	14.84101	0	21.98976	13.02666	12.166	12.18163	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P40306	PSB10_HUMAN	PSMB10	Proteasome subunit beta type-10	1	only in HCKIT	2.86E-02	38.41346	0	22.09448	63.2034	40.91795	27.43802	1	0	0	0
P55809	SCOT1_HUMAN	OXC1T1	Succinyl-CoA:3-ketoacid coenzyme A transferase 1, mitochondrial	1	only in HCKIT	2.86E-02	20.53137	0	22.52138	19.17239	27.56026	12.87143	1	0	0	0
Q92597	NDRG1_HUMAN	NDRG1	Protein NDRG1	1	only in HCKIT	2.86E-02	19.81286	0	22.58582	9.092238	21.28012	26.29324	1	0	0	0
O60613	SEP15_HUMAN	42248	15 kDa selenoprotein	1	only in HCKIT	2.86E-02	23.34052	0	24.02764	24.18087	24.01184	21.14173	1	0	0	0
Q6NXG1	ESRP1_HUMAN	ESRP1	Epithelial splicing regulatory protein 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	23.21059	0	24.07597	32.81936	14.75394	21.1931	1	0	0	0
Q9G2Z9	UBA5_HUMAN	UBA5	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 5	1	only in HCKIT	2.86E-02	26.3643	0	25.65472	28.38524	24.87449	26.54274	1	0	0	0
Q9H0E2	TOLIP_HUMAN	TOLLIP	Toll-interacting protein	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.35823	0	29.2633	46.00684	40.41993	25.74287	1	0	0	0
Q14914	PTGR1_HUMAN	PTGR1	Prostaglandin reductase 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	37.49292	0	30.31043	42.80187	46.57407	30.28529	1	0	0	0
Q9BYM8	HOIL1_HUMAN	RBCK1	RanBP-type and C3HC4-type zinc finger-containing protein 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.14991	0	33.22361	28.52309	35.85768	42.99528	1	0	0	0
O95834	EMAL2_HUMAN	EML2	Echinoderm microtubule-associated protein-like 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.83118	0	33.59681	32.17607	35.92883	41.62301	1	0	0	0
Q96Z0	PAWR_HUMAN	PAWR	PRKC apoptosis WT1 regulator protein	1	only in HCKIT	2.86E-02	23.90068	0	33.68542	24.77822	28.24504	8.894057	1	0	0	0
Q9UBC5	MYO1A_HUMAN	MYO1A	Unconventional myosin-Ia	1	only in HCKIT	2.86E-02	49.05665	0	34.21704	27.02974	40.82902	94.15079	1	0	0	0
P29373	RABP2_HUMAN	CRABP2	Cellular retinoic acid-binding protein 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	39.32267	0	36.55295	55.71365	49.56221	15.46186	1	0	0	0
Q8WUP2	FBL1_HUMAN	FBLM1	Filamin-binding UM protein 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	28.38675	0	37.61619	26.01885	28.52073	21.39123	1	0	0	0
P04424	ARLY_HUMAN	ASL	Argininosuccinate lyase	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.17085	0	38.7197	34.00256	35.67981	32.28132	1	0	0	0
Q6P986	TLDC1_HUMAN	TLDC1	TLD domain-containing protein 1	1	only in HCKIT	2.86E-02	37.59976	0	39.21105	35.5993	43.16795	32.42075	1	0	0	0
Q08722	CD47_HUMAN	CD47	Leukocyte surface antigen CD47	1	only in HCKIT	2.86E-02	40.99264	0	39.52519	32.98018	37.85867	53.60651	1	0	0	0
Q9UGI8	TES_HUMAN	TES	Testin	1	only in HCKIT	2.86E-02	48.14843	0	39.90377	56.05827	56.28553	40.34614	1	0	0	0
Q9NVZ3	NECP2_HUMAN	NECAP2	Adaptin ear-binding coat-associated protein 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	35.67029	0	40.35484	45.84985	30.72626	25.7502	1	0	0	0
O14933	UB2L6_HUMAN	UBE2L6	Ubiquitin/ISG15-conjugating enzyme E2 L6	1	only in HCKIT	2.86E-02	42.04455	0	44.02786	48.80975	48.84186	26.49871	1	0	0	0
Q29963	IC06_HUMAN	HLA-C	HLA class I histocompatibility antigen, Cw-6 alpha chain	1	only in HCKIT	2.86E-02	66.46732	0	44.94611	94.86254	95.24696	30.81365	1	0	0	0
Q99961	SH3G1_HUMAN	SH3GL1	Endophilin-A2	1	only in HCKIT	2.86E-02	42.19689	0	47.82975	38.99956	43.75491	38.20335	1	0	0	0
ASA3E0	POTEF_HUMAN	POTEF	POTE ankyrin domain family member F	1	only in HCKIT	2.86E-02	62.72938	0	56.49678	80.57228	62.37742	51.47105	1	0	0	0
P17096	HMGA1_HUMAN	HMGA1	High mobility group protein HMG-I/HMG-Y	1	only in HCKIT	2.86E-02	45.87253	0	57.37476	38.02313	49.49996	38.59228	1	0	0	0
P15374	UCHL3_HUMAN	UCHL3	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase isozyme L3	1	only in HCKIT	2.86E-02	47.9274	0	61.54717	33.18696	45.70253	51.27292	1	0	0	0
P17661	DESM_HUMAN	DES	Desmin	1	only in HCKIT	2.86E-02	75.43628	0	69.04625	96.86134	74.98808	60.84944	1	0	0	0
Q99584	S10AD_HUMAN	S100A13	Protein S100-A13	1	only in HCKIT	2.86E-02	50.9993	0	76.65809	33.01465	36.54246	57.78202	1	0	0	0
P61769	B2MG_HUMAN	B2M	Beta-2-microglobulin	1	only in HCKIT	2.86E-02	91.11165	0	80.38749	150.714	42.34977	90.9953	1	0	0	0
P17540	KCRS_HUMAN	CKMT2	Creatine kinase S-type, mitochondrial	1	only in HCKIT	2.86E-02	135.3208	0	92.55032	196.5486	188.7153	63.46922	1	0	0	0
Q04941	PLP2_HUMAN	PLP2	Proteolipid protein 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	98.89693	0	99.15531	130.0368	128.5078	37.8878	1	0	0	0
Q6K866	K2C80_HUMAN	KRT80	Keratin, type II cytoskeletal 80	1	only in HCKIT	2.86E-02	117.3144	0	104.3104	152.7818	153.2311	58.93414	1	0	0	0
P09758	TACD2_HUMAN	TACSTD2	Tumor-associated calcium signal transducer 2	1	only in HCKIT	2.86E-02	121.8982	0	141.2822	135.5507	161.0572	49.70252	1	0	0	0
O75197	LRP5_HUMAN	LRP5	Low-density lipoprotein receptor-related protein 5	1	only in HCKIT	2.86E-02	163.845	0	148.1288	158.2957	166.3042	182.6511	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9Y5E1	PCDB9_HUMAN	PCDHB9	Protocadherin beta-9	1	only in HCKIT	2.86E-02	113.2007	0	154.8949	115.333	96.93668	85.63832	1	0	0	0
P18510	IL1RA_HUMAN	IL1RN	Interleukin-1 receptor antagonist protein	1	only in HCKIT	2.86E-02	268.36	0	218.9311	346.1905	253.4583	254.8602	1	0	0	0
Q3ZCM7	TBB8_HUMAN	TUBB8	Tubulin beta-8 chain	1	only in HCKIT	2.86E-02	281.4599	0	316.0726	273.0543	293.3002	243.4124	1	0	0	0
Q08380	LG3BP_HUMAN	LGALS3BP	Galectin-3-binding protein	7	only in HCKIT	2.86E-02	805.7158	0	291.1644	1329.748	1323.733	278.2181	1	0	0	0
P00918	CAH2_HUMAN	CA2	Carbonic anhydrase 2	6	only in HCKIT	2.86E-02	907.6226	0	347.3094	1568.724	1211.033	503.4242	1	0	0	0
P36969	GPX4_HUMAN	GPX4	Phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase, mitochondrial	2	only in HCKIT	2.86E-02	69.81364	0	23.51213	111.1171	108.1244	36.50086	1	0	0	0
P27105	STOM_HUMAN	STOM	Erythrocyte band 7 integral membrane protein	2	only in HCKIT	2.86E-02	148.8147	0	44.99444	234.5143	249.8298	65.92023	1	0	0	0
Q96AZ6	ISG20_HUMAN	ISG20	Interferon-stimulated gene 20 kDa protein	2	only in HCKIT	1.14E-01	80.66015	0	99.91246	106.6175	116.1106	0	1	0	0	0
P21926	CD9_HUMAN	CD9	CD9 antigen	2	only in HCKIT	1.14E-01	96.16402	0	110.9315	122.1565	151.5681	0	1	0	0	0
P12035	K2C3_HUMAN	KRT3	Keratin, type II cytoskeletal 3	2	only in HCKIT	2.86E-02	401.8297	0	139.8307	110.0339	197.4983	1159.956	1	0	0	0
Q04828	AK1C1_HUMAN	AKR1C1	Aldo-keto reductase family 1 member C1	1	only in HCKIT	1.14E-01	39.75274	0	0	58.18343	52.07901	48.74853	1	0	0	0
P80723	BASP1_HUMAN	BASP1	Brain acid soluble protein 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	36.35432	0	0	60.74511	53.9466	30.72559	1	0	0	0
Q02338	BDH_HUMAN	BDH1	D-beta-hydroxybutyrate dehydrogenase, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	18.28672	0	0	30.23471	25.63041	17.28177	1	0	0	0
O14967	CLGN_HUMAN	CLGN	Calmagin	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.92481	0	0	25.14581	21.85077	12.70265	1	0	0	0
Q6P2I3	FAH2B_HUMAN	FAHD2B	Fumarylacetoacetate hydrolase domain-containing protein 2B	1	only in HCKIT	1.14E-01	7.00706	0	0	13.35979	9.257898	5.410551	1	0	0	0
O94808	GFFT2_HUMAN	GFFT2	Glutamine-fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	36.31971	0	0	61.88236	71.41299	11.98349	1	0	0	0
P69905	HBA_HUMAN	HBA1	Hemoglobin subunit alpha	1	only in HCKIT	1.14E-01	61.39961	0	0	154.9644	71.46635	19.16772	1	0	0	0
P29966	MARCS_HUMAN	MARCKS	Myristoylated alanine-rich C-kinase substrate	1	only in HCKIT	1.14E-01	57.65142	0	0	95.63219	75.6284	59.34508	1	0	0	0
Q15599	NHRF2_HUMAN	SLC9A3R2	Na ⁺ /H ⁺ exchange regulatory cofactor NHE-RF2	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.825541	0	0	8.332924	8.93774	10.0315	1	0	0	0
Q9BZQ8	NIBAN_HUMAN	FAM129A	Protein Niban	1	only in HCKIT	1.14E-01	25.75096	0	0	33.01465	36.70254	33.28667	1	0	0	0
Q86X76	NIT1_HUMAN	NIT1	Nitilase homolog 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	21.4868	0	0	33.48563	29.29444	23.16711	1	0	0	0
Q460N5	PAR14_HUMAN	PARP14	Poly [ADP-ribose] polymerase 14	1	only in HCKIT	1.14E-01	3.254013	0	0	3.680547	4.409285	4.926222	1	0	0	0
P35558	PCKGC_HUMAN	PCK1	Phosphoenolpyruvate carboxykinase, cytosolic [GTP	1	only in HCKIT	1.14E-01	27.78707	0	0	46.02981	46.61854	18.49993	1	0	0	0
O60437	PEPL_HUMAN	PPL	Periplakin	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.70215	0	0	27.19056	32.02468	19.59334	1	0	0	0
O00625	PIR_HUMAN	PIR	Pirin	1	only in HCKIT	1.14E-01	7.46293	0	0	10.90724	12.39722	6.547259	1	0	0	0
Q08209	PP2BA_HUMAN	PPP3CA	Serine/threonine-protein phosphatase 2B catalytic subunit alpha isoform	1	only in HCKIT	1.14E-01	33.34326	0	0	45.43247	43.7638	44.17675	1	0	0	0
Q9BRX5	PSF3_HUMAN	GIN3	DNA replication complex GINS protein PSF3	1	only in HCKIT	1.14E-01	22.21329	0	0	26.48983	28.63634	33.72697	1	0	0	0
P20339	RAB5A_HUMAN	RAB5A	Ras-related protein Rab-5A	1	only in HCKIT	1.14E-01	26.90889	0	0	39.64285	30.82409	37.16865	1	0	0	0
P01116	RASK_HUMAN	KRAS	GTPase KRas	1	only in HCKIT	1.14E-01	22.31737	0	0	32.80787	32.94958	23.51201	1	0	0	0
Q5XKES	K2C79_HUMAN	KRT79	Keratin, type II cytoskeletal 79	1	only in HCKIT	6.86E-01	0.400152	0	0.587441	0.531405	0	0.481761	1	0	0	0
Q6GMR7	FAAH2_HUMAN	FAAH2	Fatty-acid amide hydrolase 2	1	only in HCKIT	6.86E-01	0.344201	0	0.634884	0.452716	0	0.289204	1	0	0	0
Q15833	STXB2_HUMAN	STXB2	Syntaxin-binding protein 2	1	only in HCKIT	3.43E-01	0.632267	0	0.697067	0.354844	0.733784	0.743373	1	0	0	0
Q96CMB	ACSF2_HUMAN	ACSF2	Acyl-CoA synthetase family member 2, mitochondrial	1	only in HCKIT	2.86E-02	10.87319	0	6.120081	14.37068	19.06718	3.934813	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

P19012	K1C15_HUMAN	KRT15	Keratin, type I cytoskeletal 15	1	only in HCKIT	1.14E-01	11.37594	0	6.238488	19.26429	20.00097	0	1	0	0	0
O60488	ACSL4_HUMAN	ACSL4	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase 4	1	only in HCKIT	1.14E-01	5.517337	0	7.474909	5.425476	9.168965	0	1	0	0	0
Q8N3F8	MILK1_HUMAN	MICAL1	MICAL-like protein 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.080669	0	8.957003	0	7.755824	7.609849	1	0	0	0
Q9Y2K6	UBP20_HUMAN	USP20	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 20	1	only in HCKIT	1.14E-01	8.744857	0	9.569172	0	17.40414	8.006119	1	0	0	0
Q53GQ0	DHB12_HUMAN	HSD17B12	Very-long-chain 3-oxoacyl-CoA reductase	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.181101	0	10.33438	6.221549	8.168472	0	1	0	0	0
Q9Y2Q9	RT28_HUMAN	MRPS28	28S ribosomal protein S28, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	12.86569	0	13.03276	17.77093	20.65907	0	1	0	0	0
Q16270	IBP7_HUMAN	IGFBP7	Insulin-like growth factor-binding protein 7	1	only in HCKIT	1.14E-01	6.25381	0	13.12136	6.785578	5.108296	0	1	0	0	0
Q9Y2Q5	LTOR2_HUMAN	LAMTOR2	Regulator complex protein LAMTOR2	1	only in HCKIT	1.14E-01	12.42315	0	14.35376	29.36167	5.977169	0	1	0	0	0
P08240	SRPR_HUMAN	SRPR	Signal recognition particle receptor subunit alpha	1	only in HCKIT	2.86E-02	11.00135	0	16.15805	2.458293	3.638238	21.75081	1	0	0	0
Q9NPQ8	RIC8A_HUMAN	RIC8A	Synembryn-A	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.66789	0	17.62135	0	27.96045	25.08975	1	0	0	0
P45877	PPIC_HUMAN	PPIC	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase C	1	only in HCKIT	1.14E-01	13.15727	0	18.63089	17.40334	16.59485	0	1	0	0	0
Q14192	FHL2_HUMAN	FHL2	Four and a half LIM domains protein 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.33603	0	19.01752	17.39185	20.93477	0	1	0	0	0
O00469	PLOD2_HUMAN	PLOD2	Procollagen-lysine,2-oxoglutarate 5-dioxygenase 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	11.0545	0	19.8069	0	10.55632	13.85477	1	0	0	0
Q8WXR4	MYO3B_HUMAN	MYO3B	Mysin-IIIb	1	only in HCKIT	1.14E-01	23.99953	0	20.02438	0	30.8063	45.16743	1	0	0	0
Q9H173	SIL1_HUMAN	SIL1	Nucleotide exchange factor SIL1	1	only in HCKIT	1.14E-01	11.56968	0	20.57211	12.6246	13.08201	0	1	0	0	0
P20810	ICAL_HUMAN	CAST	Calpastatin	1	only in HCKIT	1.14E-01	18.19388	0	20.58822	0	23.78061	28.40668	1	0	0	0
Q9UHY7	ENOPH_HUMAN	ENOPH1	Enolase-phosphatase E1	1	only in HCKIT	1.14E-01	12.53714	0	21.48231	15.5309	13.13537	0	1	0	0	0
Q4KWH8	PLCH1_HUMAN	PLCH1	1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase eta-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	12.95752	0	22.07031	15.72618	14.03359	0	1	0	0	0
P18077	RL35A_HUMAN	RPL35A	60S ribosomal protein L35a	1	only in HCKIT	1.14E-01	15.17275	0	22.31196	0	14.0158	24.36326	1	0	0	0
O15212	PFD6_HUMAN	PFND6	Prefoldin subunit 6	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.90842	0	22.69054	20.95293	0	15.99022	1	0	0	0
Q8IUD2	RB6I2_HUMAN	ERC1	ELKS/Rab6-interacting/CAST family member 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.95575	0	22.85969	0	27.53358	9.429755	1	0	0	0
O00515	LAD1_HUMAN	LAD1	Ladnin-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.05636	0	23.14161	0	17.03062	36.05322	1	0	0	0
O75436	VP26A_HUMAN	VPS26A	Vacuolar protein sorting-associated protein 26A	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.6435	0	23.56046	20.29815	26.71539	0	1	0	0	0
Q15654	TRIP6_HUMAN	TRIP6	Thyroid receptor-interacting protein 6	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.01961	0	23.73767	28.84474	23.49603	0	1	0	0	0
O60925	PFDD1_HUMAN	PFDD1	Prefoldin subunit 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	28.78661	0	23.9283	52.96817	38.24997	0	1	0	0	0
P28062	PSB8_HUMAN	PSMB8	Proteasome subunit beta type-8	1	only in HCKIT	1.14E-01	16.55489	0	24.13236	0	31.44662	10.64058	1	0	0	0
P16070	CD44_HUMAN	CD44	CD44 antigen	1	only in HCKIT	1.14E-01	14.80247	0	24.2854	10.18698	0	24.73751	1	0	0	0
Q6P587	FAHD1_HUMAN	FAHD1	Acylpyruvase FAHD1, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	25.35908	0	24.50288	39.05699	37.87645	0	1	0	0	0
P82979	SARNP_HUMAN	SARNP	SAP domain-containing ribonucleoprotein	1	only in HCKIT	1.14E-01	21.21784	0	24.74453	0	25.37251	34.75434	1	0	0	0
Q8WUF5	IASPP_HUMAN	PPP1R13L	RelA-associated inhibitor	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.07836	0	25.0345	17.50672	0	25.77222	1	0	0	0
O60610	DIAP1_HUMAN	DIAPH1	Protein diaphanous homolog 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	18.61497	0	25.26809	0	19.74307	29.44872	1	0	0	0
P11166	GTR1_HUMAN	SLC2A1	Solute carrier family 2, facilitated glucose transporter member 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	16.43786	0	25.51779	30.24619	0	9.987468	1	0	0	0
Q5D862	FIL2_HUMAN	FLG2	Flaggrin-2	1	only in HCKIT	1.14E-01	23.69455	0	25.88832	30.5104	0	38.37947	1	0	0	0

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

Q9UNN8	EPCR_HUMAN	PROCR	Endothelial protein C receptor	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.51228	0	26.49243	30.56784	0	12.98885	1	0	0	0
Q75223	GGCT_HUMAN	GGCT	Gamma-glutamylcyclotransferase	1	only in HCKIT	1.14E-01	23.24633	0	26.58103	38.11503	0	28.28927	1	0	0	0
Q9NVS9	PNPO_HUMAN	PNPO	Pyridoxine-5-phosphate oxidase	1	only in HCKIT	1.14E-01	17.38426	0	26.79851	23.3423	19.39623	0	1	0	0	0
O15460	P4HA2_HUMAN	P4HA2	Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-2	1	only in HCKIT	1.14E-01	23.97823	0	26.91934	36.97778	32.01579	0	1	0	0	0
Q6PII2	NCEH1_HUMAN	NCEH1	Neutral cholesterol ester hydrolase 1	1	only in HCKIT	1.14E-01	18.43082	0	26.9435	22.41182	25.16796	0	1	0	0	0
P15144	AMPN_HUMAN	ANPEP	Aminopeptidase N	1	only in HCKIT	1.14E-01	20.85315	0	27.41068	13.60102	0	42.40088	1	0	0	0
Q6WCQ1	MPRIP_HUMAN	MPRIP	Myosin phosphatase Rho-interacting protein	1	only in HCKIT	1.14E-01	15.02314	0	27.75704	10.10772	0	22.2278	1	0	0	0
Q14919	NC2A_HUMAN	DRAP1	Drl1-associated corepressor	1	only in HCKIT	1.14E-01	18.70835	0	28.89278	24.30723	0	21.6334	1	0	0	0
Q9BY32	ITPA_HUMAN	ITPA	Inosine triphosphate pyrophosphatase	1	only in HCKIT	1.14E-01	21.94724	0	31.93751	0	25.5148	30.33666	1	0	0	0
P49959	MRE11_HUMAN	MRE11A	Double-strand break repair protein MRE11A	1	only in HCKIT	1.14E-01	22.93177	0	31.94557	31.23411	28.54741	0	1	0	0	0
Q96A33	CCD47_HUMAN	CCDC47	Coiled-coil domain-containing protein 47	1	only in HCKIT	1.14E-01	35.8279	0	32.50135	44.502	66.30825	0	1	0	0	0
Q17RC7	EX3L4_HUMAN	EXOC3L4	Exocyst complex component 3-like protein 4	1	only in HCKIT	1.14E-01	19.48582	0	33.4035	0	19.49406	25.04572	1	0	0	0
Q9Y5Z4	HEBP2_HUMAN	HEBP2	Heme-binding protein 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	20.84027	0	33.50016	24.6978	0	25.16314	1	0	0	0
Q99816	TS101_HUMAN	TSG101	Tumor susceptibility gene 101 protein	1	only in HCKIT	1.14E-01	23.31857	0	38.72776	26.71958	0	27.82695	1	0	0	0
P62310	LSM3_HUMAN	LSM3	U6 snRNA-associated 5m-like protein LSM3	1	only in HCKIT	1.14E-01	25.9143	0	40.85424	0	29.76579	33.03717	1	0	0	0
Q92520	FAM3C_HUMAN	FAM3C	Protein FAM3C	1	only in HCKIT	1.14E-01	46.60234	0	41.02339	73.32376	72.0622	0	1	0	0	0
P30475	1B39_HUMAN	HLA-B	HLA class I histocompatibility antigen, B-39 alpha chain	1	only in HCKIT	1.14E-01	34.33806	0	41.33753	60.50388	35.51084	0	1	0	0	0
Q8WX93	PALLD_HUMAN	PALLD	Palladin	1	only in HCKIT	1.14E-01	24.28833	0	48.39359	0	26.71539	22.04435	1	0	0	0
P12830	CADH1_HUMAN	CDH1	Cadherin-1	1	only in HCKIT	1.14E-01	49.99328	0	57.39087	67.87875	74.7035	0	1	0	0	0
Q15843	NEDD8_HUMAN	NEDD8	NEDD8	1	only in HCKIT	1.14E-01	36.87166	0	65.59071	15.99039	0	65.90555	1	0	0	0
P62753	RS6_HUMAN	RPS6	40S ribosomal protein S6	1	only in HCKIT	1.14E-01	58.82094	0	96.01391	0	89.28847	49.98137	1	0	0	0
P29317	EPHA2_HUMAN	EPHA2	Ephrin type-A receptor 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	51.39563	0	98.26927	0	59.41596	47.89729	1	0	0	0
P15153	RAC2_HUMAN	RAC2	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 2	1	only in HCKIT	1.14E-01	78.09664	0	140.8795	70.16474	0	101.3424	1	0	0	0
P54868	HMGCS2_HUMAN	HMGCS2	Hydroxymethylglutaryl-CoA synthase, mitochondrial	1	only in HCKIT	1.14E-01	54.07292	0	158.0363	24.85863	0	33.39674	1	0	0	0
Q9UMD9	COHA1_HUMAN	COL17A1	Collagen alpha-1(XVII) chain	1	only in HCKIT	2.86E-02	93.96415	0	179.0595	40.64225	37.49404	118.6608	1	0	0	0
Q9Y4F4	F179B_HUMAN	FAM179B	Protein FAM179B	1	only in HCKIT	1.14E-01	204.4035	0	252.2782	0	378.9424	186.3936	1	0	0	0

Πίνακας V. Μοριακά μονοπάτια στα οποία εμπλέκονται οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές SiHa και HCK1T

Function	Group PValue Corrected with Bonferroni	Group Genes
Branched-chain amino acid catabolism	3.40E-03	ACAT1 ALDH9A1 DLD HSD17B10 IVD MCC22 SHMT1
Sulfide oxidation to sulfate	3.40E-03	AHCY CBS1 ETHE1 GOT1 MTA1 SQORDL1 ST1
Oxidative Stress Induced Senescence	2.60E-03	CBFB8 CBX5 CDK2 CDK4 CDKN2A CSNK2A2 GATA2D8 HDAC1 HDAC2 HMG1A1 IGF1BP7 LAMTOR2 LAMTOR3 LMNB1 NUP155 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP88 NUP93 PARP1 PCNA PML RAD21 RANGAP1 RBBP4 RBBP7 RCOR1 RPA1 RPS6KA1 SAE1 SMC1A SMC3 SP100 STAT3 TERF2IP TXN
ISG15 antiviral mechanism	7.70E-04	ADAR DNAJC3 EIF2AK2 EIF4A3 EIF4G2 FLNB HLA-A HLA-B HLA-C IFR1 IFR3 IFR6 ISG15 ISG20 KPNA2 KPNA3 MX1 MX2 NUP155 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP88 NUP93 PML POLR2C PTIP1 RPL26L1 RPL35A RPL37A RPS15 SP100 STAT1 TRIM29 UBE2L6
Metabolism of nucleotides	5.40E-04	ADA ADSL ADSS AKT1 APR1 DTMK GDA GMP5 GPX1 INT5C PFAS1 PNP RRM1 RRM2 TXN TYMP TYMS
Metabolism of proteins	4.90E-04	AARS1 ACADVL ALPPL2 ANPEP CARS1 CBX5 CDK73 CDK1 CDKN2A CHCHD3 CHCHD4 CKAP4 COPA1 COP92 COPS1 COPS8 CP1A CSNK2A2 CTC1 CYC1 DCAF7 DCAF8 DCUN1D1 DDB1 DDOST DNAJC3 EEF1A2 EEF1B2 EEF1E1 EEF253 EIF4B ERF1A EIF1 ERF8 EXOSC5 FBXO2 FKBP9 FEN1 FN3KRP1 GFPT2 GMPPA GMPFB1 GNAI2 GOLGA2 GSN1 GSPT1 HDAC1 HDAC2 HLA-A HSPA5 HSPD1 IARS1 IDE1 IGF1BP7 KARS KHSRP LGALS1 LMAN1 MAN1B1 MARS MAVS MEPE MRPL1 MRPL27 MRPL37 MRPL39 MUC1 MYD MYDGF NAE1 NAPA NFBY NUP155 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP88 NUP93 OGT OS9 PABPC1 PAF1 PARP1 PCNA PGAM3 PML PPM2 PMP7C PPA2 PPP6C PSMA6 PSMA8 PSMB1 PSMB4 PSMB5 PSMB6 PSMB7 PSMD10 PSMD5 PSMD8 RAB11A RAB21 RAB22A RAB28 RAB9A RAB9B RAD21 RAD23B RANGAP1 RBBP7 RPA1 RPL26L1 RPL35A RPL37A RPL11 RPS15 RTF1 SAE1 SAMM50 SAR1B SCD1 SEC16A SEC22B SEC24C SEC24D SKP1 SLC25A12 SLC25A13 SMC1A SMC3 SNX3 SP100 SRFBP1 STAT3 SUMF2 TBC1 TIF1 TMM13 TMM9 TTP1 TRMT112 TSMF1 TSTA3 TUBB4B TXN1 UBA1 UBA6 UBE2A UBE2L6 UBE25 UCHL5 USP10 USP20 USP21 VARS WDR5 WDR61
HIV Life Cycle	1.00E-04	AP1B1 CDH1 CHMP3 CTNND1 DNAJC3 EIF2AK2 FEN1 HMG1A1 ISG15 KPNA2 KPNA3 MVB12A NCBP1 NUP155 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP88 NUP93 POLR2C PSMA6 PSMA8 PSMB1 PSMB4 PSMB5 PSMB6 PSMB7 PSMD10 PSMD5 PSMD8 RANBP1 RANGAP1 RPL26L1 RPL35A RPL37A RPS15 SH3GL1 SKP1 SSRP1 SUPT16H VPS4A VPS4B XRCC5
Antigen Presentation: Folding, assembly and peptide loading of class I MHC	9.10E-05	ERAP1 HLA-A HLA-B HLA-C HSPA5 SAR1B SEC24C SEC24D TAPBP
Glycolysis	8.30E-05	AKR1B1 CHP1 ENO2 GAA GNPD1A1 GOT1 GPI GYG1 HEXA NUP155 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP88 NUP93 PAPSS2 PC PCK1 PCK2 PFKFB1 PGM1 PGM2 PGP PRPS1 PYGB PYGL RPE SDC1 SGGH SHPK SLC25A12 SLC25A13 SLC2A1 TKFC
SUMOylation of DNA replication proteins	5.80E-05	BAX CARM1 CDK1 NUP155 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP88 NUP93 PCNA PRMT1 RANGAP1 SFN
Neutrophil degranulation	1.40E-05	ACAA1 ANPEP ANXA2 APR1 ARPC5 ATAD3B CAP1 CAPN1 CD14 CD47 CKAP4 CNN2 CREG1 CT5B CTC5 DDOST DDX3X DNAJC3 DSP FABP5 FIL1 GAA GM2A GPI GSDMD GSN1 GSPT1 GYG1 HEBP2 HLA-B HLA-C HMOX2 IST1 LAMTOR2 LAMTOR3 LGALS1 MYP1 NAR1 PA2C4 PGM1 PGM2 PNP PRDX6 PSMB1 PSMB7 PYGB PYGL RAB9B S100A8 S100A9 SERPINB1 STOM TOLLIP TUBB4B XRCC5
Unwinding of DNA	1.40E-05	BUB3 CARM1 CBFB CDK1 CDK11B CDK2 CDK4 CDKN2A CLP1 CSNK2A2 DDB1 DHFR FEN1 GINS3 GOLGA2 HDAC1 ISG15 LMNB1 MAPRE1 MAVS MCM2 MCM3 MCM4 MCM5 MCM6 MCM7 MSH2 NUMA1 NUP155 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP88 NUP93 PARP1 PCBP2 PCNA POLD2 POLD3 PPP1R12A PSMA6 PSMA8 PSMB1 PSMB4 PSMB5 PSMB6 PSMB7 PSMD10 PSMD5 PSMD8 RAB2A RAD21 RANGAP1 RBBP4 RBBP7 RFC4 RPA1 RPA2 RPA3 RRM2 SET SFN1 SKP1 SMC1A SMC3 TBL1XR1 TERF2IP TUBB4B TUBG1 TYMS UBE2L6 USP10 XRCC1 YWHAE YWHAH YWHAZ
Type I hemidesmosome assembly	8.50E-06	COL17A1 ITGB4 KRT14 KRT5 LAMA3 LAMB3 LAMC2
Histidine, lysine, phenylalanine, tyrosine, proline and tryptophan catabolism	1.40E-08	ACAT1 AHCY ALDH4A1 ALDH7A1 ALDH9A1 ASL ASS1 CBS1 CK8 CKMT1A CKMT2 CPS1 DLD EEF1E1 ETHE1 GCDH GLS GLUD1 GLUL GOT1 HSD17B10 IARS IVD KARS KYNU1 MARS MCC22 MTA1 NNMT NQO1 PAPSS2 PCB1 PDHB PSMA6 PSMA8 PSMB1 PSMA4 PSMB5 PSMB6 PSMB7 PSMD10 PSMD5 PSMD8 PYCR1 RPL26L1 RPL35A RPL37A RPS15 SHMT1 SLC7A5 SQORDL1 ST1
tRNA modification in the nucleus and cytosol	1.60E-11	ADAR BOP1 C14orf166 DCP5 DDX5 DHX9 EDC3 EDC4 EFTUD2 EIF4A3 EIF4B ELAVL1 ERF1 EXOSC5 FAM98B FUS GSPT1 HNRNP3A HNRNPUL1 HSD17B10 HSPB1 IGF2BP2 IGF2BP3 KHRRP LAGE3 NCBP1 NSUN2 NUDT21 NUP155 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP88 NUP93 NXF1 PABPC1 PAP1 PCBP2 POLDIP3 POLR2C PPL3 PRF4 PRF4A PSMA6 PSMA8 PSMB1 PSMB4 PSMB5 PSMB6 PSMB7 PSMD10 PSMD5 PSMD8 PUF60 RPL26L1 RPL35A RPL37A RPS15 SARNP SET SF1 SF3A1 SF3A3 SF3B2 SF3B3 SF3B4 SNRNP40 SNRPA1 SNRPB SNURF SRRM2 SRRM3 SRSF1 SRSF5 SRSF6 SRSF9 THOC4 TNKS1BP1 TNPO1 TRMT112 WDR12 WDR61 XPO1 YWHAZ
Metabolism	2.80E-15	AASDHPT1 ABHD14B ACAA1 ACAD5 ACADVL ACAT1 ACSF2 ACSL3 ACY1 ADA ADSL ADSS AGK AHCY AKT1 AKR1B1 AKR1B10 AKR1C1 AKR1C3 AKR1C4 AKR7A2 ALDH1B1 ALDH4A1 ALDH7A1 ALDH9A1 APR1 ASL ASS1 ATP5F1 BLVRB BLVRLB BPNT1 CA2 CARM1 CBS1 CHP1 CIAPIN1 CK8 CKMT1A CKMT2 CMBL CNPND2 COMT CDX5A CPS1 CP12 CSNK2A2 CY85B CYC1 C1G7B DBI DHFR DLD DT YMK ECI1 EEF1E1 ENO2 EPHK1 ESD ETEA EIF8 ETHE1 FANM2 FABP5 FDS1 FOXK1 FECH1 FHIZ1 GAA1 GCDH GDA1 GLS GLUD1 GLUL GM2A GMP5 GNAI2 GNDA1 GOT1 GPI GPX1 GPX4 GSTM3 GSTP1 GYG1 HEXA HMGCL1 HMOX2 HSD17B10 HSD17B12 IARS IDH3B1 DI1 IMPA2 IVD KARS KYNU1 LDHA LDHB LSS LYLPLA1 MARS MAT2A MCC22 ME1 MED6 MTA1 MTHFD1 MVD NADK2 NARPT1 NDUFA4 NDUFA6 NDUFB4 NDUFS1 NDUFV2 NDUFV2 NFBY NNMT NQO1 NSDHL INT5C NUBP1 NUBP2 NUP155 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP88 NUP93 OXCT1 OXCT2 PAPSS2 PARP1 PC PCB1 PCK1 PCK2 PCYT1B PDHB PFAS1 PPK1 PGM1 PGM2 PGP1 PLCH1 PNP PON2 PPA2 PRKAR1A PRKAR1B PRKD2 PRPS1 PSMA6 PSMA8 PSMB1 PSMB4 PSMB5 PSMB6 PSMB7 PSMD10 PSMD5 PSMD8 PGC1 PGC1 PYGB PYGL RPE1 RPL26L1 RPL35A RPL37A RPS15 RRM1 RRM2 SAR1B SDC1 SEC24C SEC24D SGGH SHMT1 SHMT2 SHPK SLC14A3 SLC25A12 SLC25A13 SLC2A1 SLC7A5 SPR SQORDL1 SUMF2 TBL1XR1 TKFC TRMT112 TST TXN1 TYMP TYMS UQCRC1 UQCRC2 UQCRC3 W

Πίνακας VI. Μοριακά μονοπάτια στα οποία εμπλέκονται οι διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες ανάμεσα στις κυτταρικές σειρές C33A και HCK1T

Function	Group PValue Corrected with Bonferroni	Group Genes
SeMet incorporation into proteins	2.80E-03	AARS2 DARS EPRS FARSA FARSB IARS2 KARS LARS NARS QARS SARS YARS YARS2
Antigen Presentation: Folding, assembly and peptide loading of class I MHC	1.50E-03	B2M CALR ERAP1 HLA-A HLA-B HLA-C HSPA5 PDIA3 SEC13 TAPBP
Semaphorin interactions	1.50E-03	CDC42 CDK5 CRMP1 DPYSL3 DPYSL4 DPYSL5 HSP90AA1 HSP90AB1 MYH10 MYH9 MYL6 MYL9 RAC1 RAC2 RHOB RHOH RRAS TLN1
EGFR downregulation	1.30E-03	CDC42 CDH1 COL2A1 CRK CRKL CTNNB1 EGFR FNI ITGA2 ITGA3 KRAS LAMA3 LAMB3 LAMC2 PTPN1 PTPN11 RAB4A RAC1 RANB P9 RAP1B SH3GL1 TNS4
Apoptosis induced DNA fragmentation	1.20E-03	ACIN1 CDH1 DFFA DSP FNTA GSN HISTH1E HMG1 HMG2 LMNB1 MAPT PLEC SPITAN1 STK26 VIM
Uptake and function of diphtheria toxin	1.10E-03	CD9 EEF2 HSP90AA1 HSP90AB1 TXNRD1
Interleukin-12 family signaling	7.40E-04	AIP1 ANXA2 CDC42 CNN2 HNRNP2B1 HNRNPDL LCP1 LMNB1 MSN1 MTAP PDCD4 PSME2 RAP1B SOD1 SOD2 STAT1 TCP1
Branched-chain amino acid catabolism	6.40E-04	ACAT1 ALDH9A1 BCAT1 BCAT2 BCKDHA DLSD HIBCH1 IWD1 MCCO2 SHMT1
Sulfide oxidation to sulfate	6.40E-04	ADU1 AHCTY CBS ENOPH1 ETHE1 GOT1 MATI1 MR1 MTAP SQRL1
Glycolysis	4.80E-04	AKR1B1 ALDH1A1 CD44 CHP1 DCXK G6PD1 GALNS GNPDA1 GOT1 GPI HEXA HK1 HK2 MDH1 NUP133 NUP135 NUP214 NUP35 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP59 NUP62 NUP68 NUP93 PAPSS1 PAPSS2 PC1 PCK1 PCK2 PFKP PGD PGM2 PPP2R1B PPP2R5D PRKACA PRPS1 PRPS2 PYGL RAE1 RPIA SDC1 SLC25A12 SLC25A13 SLC2A1 SORD1 KIFC LUGP2
Deadenylation-dependent mRNA decay	2.00E-04	CNOT2 DCP1A DCPS1 EDCS3 EIF4A1 EIF4A2 EIF4A3 EXOSC3 EXOSC4 EXOSC6 EXOSC8 EXOSC9 LSM3 NPM1 PABPC1 PABP1 TNKS1BP1 WDR61
IRS-mediated signalling	1.40E-04	ABCE1 ABCF1 ABI2 ACAA1 ACLY ACTL6A ACTN2 ACTR1B AD1 ADRM1 AGK AIP ANAPC7 ANPEP ANXA1 ANXA2 AP2A2 AP0B ARPC1A ARPC1B ASL1 ATAD3B ATC4A ATP1B2 B2M1 BAG2 BANF2 BUB3 CAB39 CALR CAP1 CAPN1 CAT1 CAV1 CBFB CCAR2 CC12 CCTB CD44 CD47 CDC34 CDC42 CDC73 CDK3 CDK4 CDKN2A CDKN2B CHMP7 CKAP4 CKAP5 CRK1 CKMT1A CKMT2 CLTC CEN N2 COL2A1 COPS2 COP5A1 COP55 COP56 COP57B COTL1 CPNE1 CPNE3 CREG1 CRK CRKL CSNK2A1 CSNK2A2 CSRP1 CTBP1 CTBP2 CTNNA1 CTNNB1 CTSB CTSC CTSD CY8SR3 DCAF7 DCAF8 DCP1A DCNT2 DCNT4 DDB1 DDX3X DDX41 DHRF1 DHX9 DIAPH1 D NAJ1A DNAJC3 DPY30 DSP1 DUSP3 DYNC1I2 EEA1 EEF1A1 EEF2 EGFR EIF2AK2 EIF2S3 EIF4A1 EIF4A2 EIF4G3 ELAVL1 ELOB ELOC EMD ENAH ENOPH1 ERCC6L ERLIN2 ERO1A ERP44 ESRP1 EXOSC3 EXOSC4 EXOSC6 EXOSC8 EXOSC9 FABP5 FBXO2 FEN1 FKBP4 FKB P5 FLG2 FLNB FNI1 FOXK2 FSCN1 FTH1 FTL FXR1 GABARAP12 GALNS1 GNSS3 GNAS5 GOT1 GPI GPS1 GPX1 GRN GSN GSTP1 H2AFZ HCF1 HDAC2 HDAC8 HEBP2 HIST1H1E HIST1H2B HLA-A HLA-B HLA-C HMG1A HMG2B HNRNPDL HSP90AA1 HSP90AB1 HSPA14 HSPA4 HSPA4L HSPA5 HSP4A HSPB1 IDE IFIT1 IFIT3 IGF2BP1 IGFBP7 IL1B IL1RN IMPDH2 IQGAP1 IRF6 ISG15 ISG20 ISTI1 JUP KDM1A KHSRP KIF23 KIF2A KPN2A1 KPN44 KRAS KRT1 LAMP1 LAMP2 LAMTOR2 LAMTOR3 LCP1 LGALS3 LIG1 LMNA LMNB1 LRPS1 LTAH4 MAD2L1 MAT2B MCM2 MCM3 MCM4 MCM5 MCM6 MCM7 M PPR1 MR1 MR11 MSN1 MTA3 MTAP MVP MX1 MX2 MYH9 MYL6 MYO1C NAPRT1 NCAPH1 NCBP1 NEEDB1 NPM1 NUDC1 NUP133 NUP 153 NUP214 NUP35 NUP51 NUP54 NUP59 NUP62 NUP68 NUP93 OSTF1 PA2G4 PABPC1 PFAFH1B1 PAPSS1 PCBP2 PCNA PDC D4 PDIA3 PDIUM7 PDKX PEBP1 PGM2 PIN1 PIPSK1A PLCG1 PML POLR1D POLR2C POLR2H PPM1A PPME1 PPP2R1B PPP2R2A PPP2R 5 PPP3CA PPP3CB PPP3C PRC1 PRKACA PRKAR2B PRKAR2B PRMT1 PSAP PSIP1 PSMA2 PSMA5 PSMB1 PSMB10 PSMB4 PSMB5 PSMB6 PS MB7 PSMB8 PSMC2 PSMC3 PSMC6 PSMD1 PSMD10 PSMD13 PSMD14 PSMD2 PSMD3 PSMD5 PSMD8 PSME1 PSME2 PSME3 PSMF1 P TPN1 PTPN11 PTRH2 PYGL QKI RAB10 RAB6A RAB9B RAC1 RAC2 RAD21 RAD23B RAE1 RAN1 RANBP1 RANGAP1 RAP1B RBBP4 RBBP 5 RBBP7 RC1 RC2 RFC2 RFC4 RHEB RPA1 RPA2 RPA3 RPS4 RPS6A1 RRM2 RUVBL1 S100A11 S100A4 S100A9 SALL4 SCRIB SEC1 3 SERPINB1 SERPINB6 SFN1 SH3GL1 SKP1 SMAD2 SMARCB1 SMARCC2 SMARCC2 SMC1A SMC3 SNX3 SOD1 SOD2 SOX2 SP100 SPC2 4 SPTAN1 SRM1 SRP14 STAT1 TAPBP TBL1XR1 TCP1 TERF2IP TKFC TLN1 TOLLIP TOP2A TUBB2B TUBB8 TUBB8 TUB G1 TXLNA TXN1 TXNDC5 TXNRD1 TYMS UBE2C UBE2L6 UBE2M UBE2V1 UBE2V2 UCHL1 UCHL3 UCHL5 USP10 USP11 USP13 USP15 USP 20 USP4 USP7 VATI VIM VPS2A4 WAPL WASL WDR5 XPO1 XRCC5 XRCC6 YES1 YWH42 YY1 YZ3HVA1 ZW10
Retrolin mediated transfer of substrate to CCT1/fic	2.20E-05	CC12 CCT3 CCT4 CCT5 CCT6A CCT6B CC17 CCT8 DCAF7 FKBP9 GBA PFDN1 PFDN6 TCP1 TUBA4A TUBB2B TUBB3 USP11 YBP1
Inwinding of DNA	1.60E-05	DHFR1 FEN1 GINS3 LIG1 MCM2 MCM3 MCM4 MCM5 MCM6 MCM7 PCNA RBBP4 RFC2 RFC4 RPA1 RPA2 RPA3 RBM2 TYMS
Purine ribonucleoside monophosphate biosynthesis	7.90E-06	ADK ADSL ATIC CAD C1PS1 DCTD1 DTYMK GART GDA GMP5 GPX1 HPR1 IMPDH2 IPA1 NME4 NTSC2 PAIC5 PFAS PPAT RRM1 RR M2 TXN1 TXNRD1 TYMP TYMS UCK2 UMPS
Type I hemidesmosome assembly	8.70E-07	COL17A1 ITGA6 ITGB4 KRT14 KRT5 LAMA3 LAMB3 LAMC2 PLEC
FGFR2 mutant receptor activation	1.60E-07	ACTL6A COP52 COP54 COP55 COP56 COP57B DDB1 DDX42 EFTUD2 ESRP1 GPI1 HNRNP11 HNRNP13 HSP90AA1 KRAS L U G1 NCPB1 PARP1 PCNA PLCG1 POLR2C POLR2H PRPF19 PTBP1 PTPN11 RAD23B RAN RFBFX2 RFC2 RFC4 RPA1 RPA2 RPA3 RUVB L1 SALL4 SF3B1 SF3B2 SF3B3 SF3B4 SMAD2 SNRNP40 SNRNP8 SNRNP11 SNRNP22 SNRNP33 SOX2 SRFS6 TIA1 TAL1 UBE21 UBE2V2 U SP7 XPO5 YY1
Rev-mediated nuclear export of HIV RNA	4.90E-08	ACTL6A ANAPC7 CARM1 CBFB CDK2 CDK4 CDKN2A CDKN2B CLNS1A CSNK2A1 CSNK2A2 DDX20 ELAVL1 GEMIN3 H2AF2 HDAC2 HIST1H1E HIST1H2B HMG1A HNRNP1 IGFBP7 KDM1A LAMTOR2 LAMTOR3 LMNB1 MR11 MTA3 NCPB1 NEEDB1 NPM1 NUP133 NUP15 3 NUP214 NUP35 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP62 NUP68 NUP93 PARP1 PCNA PML PPME1 PPP2R1B PPP2R2A PRMT1 RAD21 RA E1 RAN RANGAP1 RBBP4 RBBP7 RC1 RHEB RPA1 RPS6A1 SALL4 SFN SMAD2 SMARCB1 SMARCC2 SMARCC2 SMC1A SMC3 SNR P1 SNRNP11 SNRNP22 SNRNP33 SP100 STRAP TERF2IP TOP1 TOP2A TOP2B TXN1 UBA2 UBE2C UBE2J UBE2M UCHL5 USP15 WDR77 XPO1 ALYREF BAG2 C1orf146 CARM1 CCAR2 CDK2 CLNS1A CPSF2 CPSF3 DDX1 DDX20 EEF1A1 ELAVL1 END1 FKBP4 GEMIN3 H2AF2 HS 1 HMG1A HSP90AA1 HSP90AB1 HSPA14 HSPA4 HSPA5 HSP4B LMNB1 NCPB1 NCPB1 NPM1 NUP133 NUP153 NUP214 N UP35 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP62 NUP68 NUP93 PCNA POLR2C POLR2H PPME1 PPP2R1B PPP2R2A PRMT1 PSIP1 RAE1 RAN RANGAP1 RCC1 RPA1 RPA2 RPA3 RTC8 SFN1 SMAD2 SNRNP8 SNRNP11 SNRNP22 SNRNP33 STRAP TOP1 TOP2A TOP2B UBE21 UBE2M U
Export of Viral Ribonucleoproteins from Nucleus	2.40E-08	CHL5 USP15 WDR77 XPO1 XPO2
Meiotic synapsis	5.50E-09	ANAPC7 BUB3 CARM1 CBFB CDK2 CDK4 CDKN2A CDKN2B CKAP5 CSNK2A1 CSNK2A2 CTNNB1 DCNT2 DHFR1 DYNC1I2 EMD ERCC 6L FEN1 GINS3 H2AF2 HIST1H2B HSP90AA1 HSP90AB1 KIF23 KIF2A KRAS LIG1 LMNB1 MAD2L1 MCM2 MCM3 MCM4 MCM5 MCM6 MCM7 MLH1 MR11 NCAPH1 NPM1 NUDC1 NUP133 NUP153 NUP214 NUP35 NUP37 NUP43 NUP50 NUP54 NUP62 NUP68 NUP93 PAP 4H1B1 PCNA PPME1 PPP2R1B PPP2R2A PPP2R5D PRKACA PRKAR2B PSMA2 PSMB1 PSMB10 PSMB4 PSMB5 PSMB6 PSMB7 PSMB8 P SMC2 PSMC3 PSMC6 PSMD1 PSMD10 PSMD13 PSMD14 PSMD2 PSMD3 PSMD5 PSMD8 PSME1 PSME2 PSME3 SMC1 SMC3 SMC1 RAD21 RAE1 R ANGAP1 RBBP4 RBBP7 RCC2 RFC2 RFC4 RPA1 RPA2 RPA3 RRM2 RUVBL1 RUVBL2 SEC13 SFN1 SMC1A SMC3 SMC3 SPC24 TBL1XR1 TE R2IP TOP2A TUBA4A TUBB2B TUBB3 TUBB8 TUBG1 TYMS UBE2C UBE2J UBE2V2 WAPL XPO1 YWH42 ZW10
Signalling by NGF	6.50E-10	AATF ACTN2 ANXA1 AP2A2 ARHGDI1 CDC42 CDK5 CLTC CRK1 CRKL CSNK2A1 CSNK2A2 DUSP5 EGFR FNI1 GNAQ2 GNAS HDAC2 HEBP1 IQGAP1 KDM1A KRAS LAMTOR2 LAMTOR3 MTA3 NLN PEBP1 PIPSK1A PLCG1 PML PPP2R1B PPP2R5D PPP3CA PPP3CB PPPS C PRKACA PRKAR2A PRKAR2B PSAP PSMA2 PSMB1 PSMB10 PSMB4 PSMB5 PSMB6 PSMB7 PSMB8 PSMC2 PSMC3 PSMC6 PSMD1 P SMD10 PSMD13 PSMD14 PSMD2 PSMD3 PSMD5 PSMD8 PSME1 PSME2 PSME3 PSMF1 PTPN11 RAC1 RAC2 RANBP9 RAP1B RBBP4 RBB P7 RHEB RHOH RHOH RPS6A1 SALL4 SPITAN1 TLN1 USD13 USP7
Neutrophil degranulation	2.90E-11	ACAA1 ACLY ACTR1B ANPEP ANXA2 ATAD3B B2M1 CAB39 CAP1 CAPN1 CAT1 CCT2 CCT8 CD44 CD47 CKAP4 CNN2 COT 1 CPNE1 CPNE3 CREG1 CTSB CTSC CTSD CY8SR3 DIX3X DIAPH1 DNAJC3 DSP EEF1A1 EEF2 ERP44 FABP5 FLG2 FTH1 FTL GALNS GPI GRN1 GSN1 GSTP1 HEBP2 HLA-B HLA-C HMG1B HSP90AA1 HSP90AB1 HSP4B IMPDH2 IQGAP1 ISTI1 JUP KRT1 LAMP1 LAMP2 LAMTOR2 LAMTOR3 LGALS3 LTAH4 MVP NA PRT OSTF1 PA2G4 PDKX PGM2 PRCP PSAP PSMA2 PSMB1 PSMB7 PSMC2 PSMC3 PSMD1 PSMD14 STOM1 TOLLIP TXNDC5 TYGL1 PYGL R AB10 RAB6A RAB9B RAC1 RAP1B S100A11 S100A8 S100A9 SERPINB1 SERPINB6 SPITAN1 SRP14 STOM1 TOLLIP TXNDC5 VATI XRCC5 X RCC6

Πίνακας VII. Διαφορικά εκφραζόμενες πρωτεΐνες με σταθερή τάση έκφρασης και στις τρεις συγκρίσεις HeLa/HCK1T, SiHa/HCK1T και C33A/HCK1T

UniprotAccession	Symbol	Name	HeLa/HCK1T			SiHa/HCK1T			C33A/HCK1T		
			#peptides	Ratio	Mann-Whitney	#peptides	Ratio	Mann-Whitney	#peptides	Ratio	Mann-Whitney
K2C6C_HUMAN	KRT6C	Keratin, type II cytoskeletal 6C	17	0.0019	0.0286	17	0.0086	0.0286	17	0.0006	0.0286
K2C5_HUMAN	KRT5	Keratin, type II cytoskeletal 5	21	0.0132	0.0286	20	0.0109	0.0286	20	0.0001	0.0286
ETHE1_HUMAN	ETHE1	Persulfide dioxygenase ETHE1, mitochondrial	5	0.0270	0.0286	5	0.1071	0.0286	5	0.1637	0.0286
K2C75_HUMAN	KRT75	Keratin, type II cytoskeletal 75	11	0.0294	0.0286	12	0.0556	0.0286	10	0.0022	0.0286
CAN1_HUMAN	CAPN1	Calpain-1 catalytic subunit	6	0.0335	0.0286	6	0.3117	0.0286	6	0.1501	0.0286
PCKGM_HUMAN	PCK2	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP], mitochondrial	7	0.0354	0.0286	7	0.1424	0.0286	7	0.0093	0.0286
S10AA_HUMAN	S10A10	Protein S100-A10	2	0.0460	0.0286	2	0.2037	0.0286	2	0.0153	0.0286
PTN1_HUMAN	PTPN1	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 1	4	0.0668	0.0286	4	0.4377	0.0286	6	0.3573	0.0286
STAT1_HUMAN	STAT1	Signal transducer and activator of transcription 1-alpha/beta	9	0.0690	0.0286	9	0.1554	0.0286	10	0.0981	0.0286
NSF1_C_HUMAN	NSFL1C	NSFL1 cofactor p47	4	0.0777	0.0286	4	0.4212	0.0286	3	0.3865	0.0286
K1C14_HUMAN	KRT14	Keratin, type II cytoskeletal 14	13	0.0807	0.0286	14	0.4855	0.0286	13	0.0047	0.0286
K2C73_HUMAN	KRT73	Keratin, type II cytoskeletal 73	5	0.0917	0.0286	5	0.2453	0.0286	5	0.0094	0.0286
SH3L3_HUMAN	SH3BGL3	SH3 domain-binding glutamic acid-rich-like protein 3	2	0.1000	0.0286	2	0.2799	0.0286	2	0.0050	0.0286
CATB_HUMAN	CTSB	Cathepsin B	2	0.1037	0.0286	2	0.0175	0.0286	2	0.0159	0.0286
FLNB_HUMAN	FLNB	Filamin-B	49	0.1056	0.0286	49	0.3924	0.0286	44	0.0691	0.0286
ERO1A_HUMAN	ERO1L	ERO1-like protein alpha	9	0.1572	0.0286	8	0.1405	0.0286	8	0.2942	0.0286
LIMA1_HUMAN	LIMA1	LIM domain and actin-binding protein 1	6	0.1985	0.0286	7	0.2414	0.0286	6	0.0925	0.0286
E2F2_HUMAN	E2F2	Interferon-induced, double-stranded RNA-activated protein kinase	5	0.2100	0.0286	5	0.1955	0.0286	5	0.2266	0.0286
NSDHL_HUMAN	NSDHL	Sterol-4-alpha-carboxylate 3-dehydrogenase, decarboxylating	3	0.2232	0.0286	3	0.2343	0.0286	3	0.4810	0.0286
SHL1_HUMAN	SH3GL1	Endophilin-B1	2	0.3378	0.0286	2	0.2486	0.0286	2	0.3099	0.0286
AXA2L_HUMAN	ANXA2P2	Putative annexin A2-like protein	15	0.3631	0.0286	15	0.3254	0.0286	14	0.1916	0.0286
CAP1_HUMAN	CAP1	Adenylyl cyclase-associated protein 1	7	0.3672	0.0286	7	0.3964	0.0286	7	0.4070	0.0286
GNAI2_HUMAN	GNAI2	Guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha-2	4	0.3969	0.0286	4	0.3284	0.0286	4	0.1023	0.0286
FSCN1_HUMAN	FSCN1	Fascin	10	0.4092	0.0286	10	0.0966	0.0286	9	0.0303	0.0286
ANXA2_HUMAN	ANXA2	Annexin A2	6	0.4292	0.0286	5	0.3735	0.0286	5	0.1562	0.0286
CATC_HUMAN	CTSC	Dipeptidyl peptidase 1	2	0.4391	0.0286	2	0.1567	0.0286	2	0.1647	0.0286
GRP78_HUMAN	HSPA5	78 kDa glucose-regulated protein	27	0.4522	0.0286	27	0.2662	0.0286	27	0.2755	0.0286
HSPB1_HUMAN	HSPB1	Heat shock protein beta-1	12	0.4594	0.0286	12	0.1100	0.0286	12	0.0153	0.0286
CLIC1_HUMAN	CLIC1	Chloride intracellular channel protein 1	7	0.4825	0.0286	7	0.4744	0.0286	8	0.4126	0.0286
MANF_HUMAN	MANF	Mesencephalic astrocyte-derived neurotrophic factor	5	0.4905	0.0286	5	0.3147	0.0286	5	0.3259	0.0286
MCM7_HUMAN	MCM7	DNA replication licensing factor MCM7	13	217.9890	0.0286	12	256.0810	0.0286	11	200.5517	0.0286
IMA1_HUMAN	KPNA2	Importin subunit alpha-1	9	124.0929	0.0286	6	46.8424	0.0286	13	351.6441	0.0286
MCM4_HUMAN	MCM4	DNA replication licensing factor MCM4	9	146.0404	0.0286	12	230.9473	0.0286	8	92.9911	0.0286
MCM6_HUMAN	MCM6	DNA replication licensing factor MCM6	13	116.4382	0.0286	14	183.6807	0.0286	7	66.5518	0.0286
RIR1_HUMAN	RRM1	Ribonucleoside-diphosphate reductase large subunit	8	44.1407	0.0286	3	18.3507	0.0286	6	31.6963	0.0286
PSD10_HUMAN	PSMD10	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 10	2	23.9474	0.0286	4	45.9627	0.0286	2	12.5825	0.0286
KCRB_HUMAN	CKB	Creatine kinase B-type	11	36.4883	0.0286	5	6.1913	0.0286	9	22.9728	0.0286
THOP1_HUMAN	THOP1	Thimet oligopeptidase	2	26.3316	0.0286	2	9.8795	0.0286	2	10.4011	0.0286
PARP1_HUMAN	PARP1	Poly [ADP-ribose] polymerase 1	10	12.8584	0.0286	4	4.3277	0.0286	13	19.0981	0.0286
SF3A3_HUMAN	SF3A3	Splicing factor 3A subunit 3	3	8.1014	0.0286	5	11.6142	0.0286	5	16.3263	0.0286
SNX1_HUMAN	SNX1	Sorting nexin-1	5	6.9031	0.0286	5	10.5733	0.0286	4	17.1683	0.0286
DBP1_HUMAN	DBP1	DNA damage-binding protein 1	11	13.0305	0.0286	6	6.4255	0.0286	10	13.6419	0.0286
RBM25_HUMAN	RBM25	RNA-binding protein 25	2	5.8219	0.0286	2	11.4855	0.0286	4	15.4503	0.0286
THIO_HUMAN	TXN	Thioredoxin	3	2.9734	0.0286	4	17.5578	0.0286	4	10.8354	0.0286

Βασιλική Λυγηρού, MSc
ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

PON2_HUMAN	PON2	Serum paraoxonase/arylesterase 2	4	12.9259	0.0286	2	4.8047	0.0286	3	11.9931	0.0286
PUR4_HUMAN	PFAS	Phosphoribosylformylglycinamide synthase	12	9.2719	0.0286	8	6.6321	0.0286	13	11.9158	0.0286
PCNA_HUMAN	PCNA	Proliferating cell nuclear antigen	5	11.7626	0.0286	5	9.7125	0.0286	3	6.1622	0.0286
SPRE_HUMAN	SPR	Septaplerin reductase	2	4.2704	0.0286	3	12.3970	0.0286	3	9.9462	0.0286
ACADY_HUMAN	ACADVL	Very long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	12	12.7914	0.0286	7	4.5896	0.0286	9	7.9256	0.0286
GTF2L_HUMAN	GTF2L	General transcription factor II-I	6	5.9627	0.0286	8	7.8376	0.0286	8	10.8226	0.0286
P5CS_HUMAN	ALDH18A1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase	8	11.7047	0.0286	6	4.2435	0.0286	7	7.8058	0.0286
DNJA1_HUMAN	DNJA1	Dnaj homolog subfamily A member 1	4	7.7044	0.0286	7	6.6997	0.0286	6	7.4403	0.0286
NSUN2_HUMAN	NSUN2	RNA (cytosine[34]-C[5])-methyltransferase	8	6.6338	0.0286	11	9.6039	0.0286	7	4.1982	0.0286
USS1_HUMAN	EFTUD2	116 kDa U5 small nuclear ribonucleoprotein component	9	5.0366	0.0286	10	4.0054	0.0286	12	10.7839	0.0286
SF3A1_HUMAN	SF3A1	Splicing factor 3A subunit 1	6	5.2320	0.0286	7	5.1372	0.0286	8	8.9885	0.0286
WDR61_HUMAN	WDR61	WD repeat-containing protein 61	4	5.8411	0.0286	4	7.4025	0.0286	5	5.8153	0.0286
DDX5_HUMAN	DDX5	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX5	8	3.3167	0.0286	7	3.7640	0.0286	13	11.0653	0.0286
RBBP4_HUMAN	RBBP4	Histone-binding protein RBBP4	7	5.0586	0.0286	5	5.1792	0.0286	8	6.5699	0.0286
FUS_HUMAN	FUS	RNA-binding protein FUS	4	5.2159	0.0286	4	5.0828	0.0286	3	6.4502	0.0286
ERF1_HUMAN	ETF1	Eukaryotic peptide chain release factor subunit 1	3	2.5676	0.0286	5	4.2943	0.0286	7	9.5489	0.0286
HNRNLPUL1_HUMAN	HNRNLPUL1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U-like protein 1	3	3.7765	0.0286	7	6.6790	0.0286	5	5.2657	0.0286
HEXA_HUMAN	HEXA	Beta-hexosaminidase subunit alpha	3	5.5487	0.0286	6	7.4166	0.0286	3	2.4176	0.0286
EF1A2_HUMAN	EEF1A2	Elongation factor 1-alpha 2	12	5.7537	0.0286	6	4.0330	0.0286	11	5.4075	0.0286
RAGP1_HUMAN	RANGAP1	Ran GTPase-activating protein 1	5	3.1810	0.0286	7	4.6519	0.0286	7	7.2998	0.0286
HEBP1_HUMAN	HEBP1	Heme-binding protein 1	2	6.3662	0.0286	2	3.3449	0.0286	4	5.4017	0.0286
API5_HUMAN	API5	Apoptosis inhibitor 5	4	4.0895	0.0286	4	3.7382	0.0286	4	7.2790	0.0286
PSB4_HUMAN	PSMB4	Proteasome subunit beta type-4	3	5.0964	0.0286	2	3.8826	0.0286	3	5.7409	0.0286
KTHY_HUMAN	DTYMK	Thymidylate kinase	2	4.5934	0.0286	2	3.7197	0.0286	3	6.2214	0.0286
AN32E_HUMAN	ANP32E	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member E	2	3.2044	0.0286	2	3.9810	0.0286	4	7.0773	0.0286
AHSA1_HUMAN	AHSA1	Activator of 90 kDa heat shock protein ATPase homolog 1	2	2.8375	0.0286	4	3.2510	0.0286	5	8.0239	0.0286
GUA_A_HUMAN	GMP5	GMP synthase [glutamine-hydrolyzing]	12	5.7338	0.0286	6	2.4047	0.0286	13	5.9319	0.0286
PSB7_HUMAN	PSMB7	Proteasome subunit beta type-7	3	4.7583	0.0286	2	4.3594	0.0286	3	4.6000	0.0286
BIEA_HUMAN	BLVRA	Biliverdin reductase A	3	4.2408	0.0286	3	4.1443	0.0286	3	4.8658	0.0286
CAPR1_HUMAN	CAPRIN1	Caprin-1	4	4.5196	0.0286	4	3.6992	0.0286	4	4.4385	0.0286
SSRP1_HUMAN	SSRP1	FACT complex subunit SSRP1	12	3.0061	0.0286	12	3.1507	0.0286	14	6.3384	0.0286
CNT166_HUMAN	C14orf166	UPF0568 protein C14orf166	2	3.7171	0.0286	4	4.6599	0.0286	3	4.0358	0.0286
TOM34_HUMAN	TOMM34	Mitochondrial import receptor subunit TOM34	6	4.0246	0.0286	4	2.4795	0.0286	7	5.5645	0.0286
DHX9_HUMAN	DHX9	ATP-dependent RNA helicase A	8	3.7270	0.0286	5	2.3608	0.0286	10	5.5006	0.0286
MEK2_HUMAN	MEK2A	S-adenosylmethionine synthase isoform type-2	4	2.5523	0.0286	5	2.8874	0.0286	8	6.1348	0.0286
SF3B2_HUMAN	SF3B2	Splicing factor 3B subunit 2	6	3.0668	0.0286	6	5.9526	0.0286	3	2.1921	0.0286
PABP1_HUMAN	PABPC1	Polyadenylate-binding protein 1	8	3.4025	0.0286	9	3.3059	0.0286	8	4.1894	0.0286
FUBP2_HUMAN	KHSRP	Far upstream element-binding protein 2	6	2.2859	0.0286	9	3.6344	0.0286	9	4.9311	0.0286
BUB3_HUMAN	BUB3	Mitotic checkpoint protein BUB3	4	2.7720	0.0286	4	2.8311	0.0286	7	5.2358	0.0286
LC7L2_HUMAN	LUC7L2	Putative RNA-binding protein Luc7-like 2	4	4.3391	0.0286	2	3.1505	0.0286	4	3.2700	0.0286
G3BP1_HUMAN	G3BP1	Ras GTPase-activating protein-binding protein 1	5	2.6465	0.0286	5	2.5652	0.0286	9	5.3924	0.0286
PEPD_HUMAN	PEPD	Xaa-Pro dipeptidase	2	2.2797	0.0286	2	2.9260	0.0286	5	5.3175	0.0286
AATC_HUMAN	GOT1	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic	8	3.9275	0.0286	7	3.8528	0.0286	6	2.5175	0.0286
PUF60_HUMAN	PUF60	Poly(U)-binding-splicing factor PUF60	8	3.0048	0.0286	7	3.4479	0.0286	7	3.6460	0.0286
XRCC5_HUMAN	XRCC5	X-ray repair cross-complementing protein 5	18	3.3418	0.0286	15	2.0474	0.0286	20	4.4753	0.0286
PSB5_HUMAN	PSMB5	Proteasome subunit beta type-5	3	3.5139	0.0286	3	2.2354	0.0286	4	4.0706	0.0286
ARK72_HUMAN	AKR7A2	Aflatoxin B1 aldehyde reductase member 2	2	2.6244	0.0286	3	3.0196	0.0286	2	3.8353	0.0286
PSB6_HUMAN	PSMB6	Proteasome subunit beta type-6	2	3.5857	0.0286	2	2.8179	0.0286	2	2.8708	0.0286
THIL_HUMAN	ACAT1	Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial	6	2.2640	0.0286	8	3.3223	0.0286	8	3.6844	0.0286
CH60_HUMAN	HSPD1	60 kDa heat shock protein, mitochondrial	37	3.0949	0.0286	33	2.2607	0.0286	39	3.7914	0.0286
FKBP3_HUMAN	FKBP3	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP3	5	2.4731	0.0286	5	4.1946	0.0286	3	2.4570	0.0286
PA2G4_HUMAN	PA2G4	Proliferation-associated protein 2G4	8	4.1790	0.0286	7	2.0310	0.0286	12	2.8501	0.0286
DDX3X_HUMAN	DDX3X	ATP-dependent RNA helicase DDX3X	11	2.3588	0.0286	12	2.8297	0.0286	14	3.6154	0.0286
PSMD5_HUMAN	PSMD5	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 5	10	2.3888	0.0286	10	3.0462	0.0286	8	2.7461	0.0286
IF4A3_HUMAN	EIF4A3	Eukaryotic initiation factor 4A-III	3	2.2266	0.0286	4	2.7848	0.0286	6	3.1676	0.0286
RBM39_HUMAN	RBM39	RNA-binding protein 39	4	2.7235	0.0286	3	2.2727	0.0286	3	2.8832	0.0286
EF1B_HUMAN	EEF1B2	Elongation factor 1-beta	4	2.5356	0.0286	4	2.2905	0.0286	4	2.9830	0.0286

Βασιλική Λυγηρού, MSc
 ΑΝΑΚΑΛΥΨΗ ΠΡΩΤΕΪΝΩΝ ΣΧΕΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΠΑΘΟΛΟΓΙΑ ΤΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΤΗΣ ΜΗΤΡΑΣ

SAHH_HUMAN	AHCY	Adenosylhomocysteinase	8	2.3720	0.0286	8	2.5983	0.0286	6	2.0326	0.0286
PCBP3_HUMAN	PCBP3	Poly(IC)-binding protein 3	2	2.0424	0.0286	2	2.0946	0.0286	5	2.6325	0.0286
PSB1_HUMAN	PSMB1	Proteasome subunit beta type-1	4	2.2333	0.0286	5	2.2684	0.0286	6	2.1527	0.0286
PCBP2_HUMAN	PCBP2	Poly(IC)-binding protein 2	5	2.0339	0.0286	5	2.1699	0.0286	4	2.4060	0.0286