



## Ιωάννης Ηλιόπουλος Λέκτορας Βιοπληροφορικής

Email: iliopj@med.uoc.gr  
Τηλ. +30 2810-394539  
Φαξ: +30 2810-394530

### Ακαδημαϊκή-Ερευνητική Δραστηριότητα

- 2008 - : Λέκτορας, Τομέας Βασικών Επιστημών, Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Κρήτης, Ηράκλειο, Κρήτη.  
 2004-2007: ΠΔ 407 Τμήμα Ιατρικής, Τομέας βασικών επιστημών Ηράκλειο, Κρήτη.  
 2001-2003: Ερευνητής Δ' βαθμίδας Ινστιτούτο Αγροβιοτεχνολογίας, Ε.Κ.Ε.Τ.Α. Θεσσαλονίκη  
 1999-2001: Μεταδιδακτορικός ερευνητής, EBI, Cambridge, UK.

### Αντικείμενο Έρευνας

Υπολογιστική  
Βιολογία/Βιοπληροφορική.

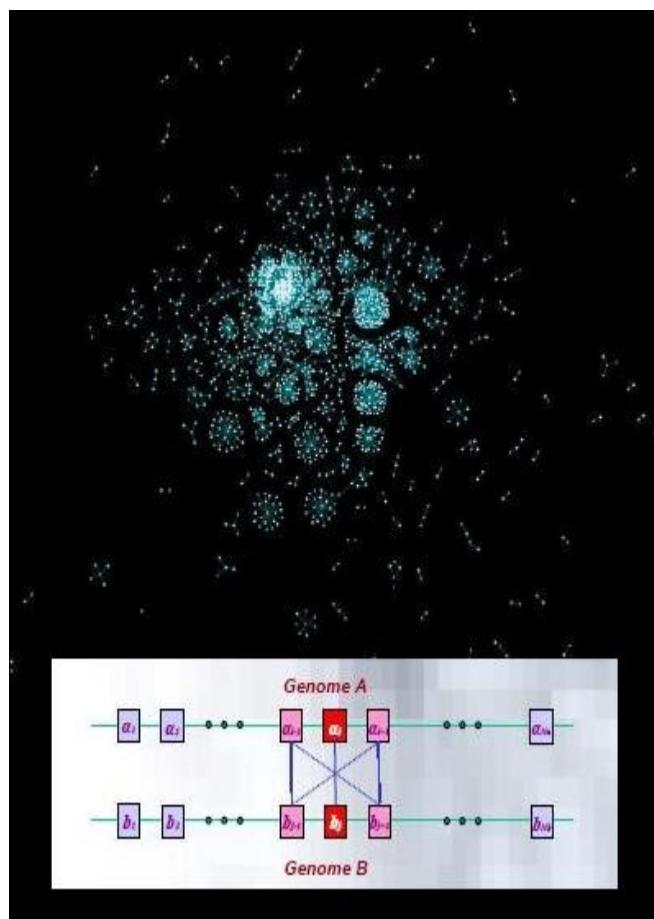
Ειδικότερα:

Συγκριτική γονιδιωματική:  
γίνεται μελέτη της διατήρησης της γονιδιακής σειράς, μελέτη της εξέλιξης γονιδίων/πρωτεΐνων και μελέτη των γονιδιακών διπλασιασμών σε Προκαρυώτες, Ευκαρυώτες και Αρχαία. Επίσης μελετάμε μηχανισμούς γονιδιακής σιώπησης σε Προκαρυώτες.

Ανάλυση βιολογικών κειμένων/Βιβλιομετρική:

Αναπτύσσουμε αλγόριθμους και εργαλεία για ανάκτηση/εξόρυξη πληροφοριών από βιολογικές βάσεις δεδομένων μεγάλου όγκου όπως η PubMed και η OMIM.

Αναπτύσσουμε εργαλεία για ανάλυση γονιδιωμάτων και βελτιώνουμε τα ήδη υπάρχοντα.



## Representative Publications

1. Oulas A, Karathanasis N, Louloupi A, **Iliopoulos I\***, Kalantidis K\*, Poirazi P. A new microRNA target prediction tool identifies a novel interaction of a putative miRNA with CCND2. *RNA Biol.* 2012 Sep 1;9(9). \* co co-authorship.
2. Nikolas Papanikolaou, Evangelos Pafilis, Stavros Nikolaou, **Ioannis Iliopoulos\*** and Vasilis J.Promponas\*. BioTextQuest: A Web-based Biomedical Text Mining Suite for concept discovery. *Bioinformatics*. 2011 Oct 12. [Epub ahead of print] \* co co-authorship.
3. Nikolas Papanikolaou, Kalliopi Trachana, Theodosios Theodosiou, Vasilis J.Promponas and **Ioannis Iliopoulos**. Gene socialization: gene order, GC content and gene silencing in *Salmonella*. *BMC Genomics*. 2009 Dec 11;10:597
4. Lagnel L., Tsigenopoulos C & **Iliopoulos I**. NOBLAST and JAMBLAST: New Options for BLAST and a Java Ap-plication Manager for BLAST results. *Bioinformatics*. 2009 Mar 15;25(6):824-6.
5. T. Theodosiou and I. **Iliopoulos**. Proteins of linked genes are highly conserved in two bacterial species. *Journal of Evolutionary Biology*, 2006 Jul;19(4):1343-5.
6. **Iliopoulos I**., Enright A., Poulet P. and C. A. Ouzounis. Mapping functional associations in the entire genome of *Drosophila melanogaster*. *Comparative and Functional Genomics* (2003) 4: 337-341
7. **Iliopoulos I**., Tsoka S., Andrade M., Enright A., Carroll M., Poulet P., Promponas V., Liakopoulos T., Palaios G., Pasquier C., Hamodrakas S., Tamames J., Yagnik A., Tramontano A., Devos D., Blaschke C., Valencia A., Brett D., Martin D., Leroy C., Rigoustos I., Sander C. & Ouzounis C. Evaluation of annotation strategies using an entire genome sequence. *Bioinformatics*. 2003 Apr 12; 19(6):717-726.
8. **Iliopoulos I**., Enright A. J. and C. A. Ouzounis. “TextQuest: document clustering of medline abstracts for concepts discovery in molecular biology”. *Pac. Symp. Biocomput.* 6: 384-395 (2001).
9. **I. Iliopoulos**, S. Tsoka, M. Andrade, P. Janssen, B, Audit, A. Tramontano, A. Valencia, C. Leroy, C. Sander and C. A. Ouzounis. Genome sequences and great expectations. 2000 Dec. *GenomeBiology*2(1):interactions0001.1-0001.3.
10. Enright A., **Iliopoulos I**., Kyrpides N. C. and C. A. Ouzounis (1999). Protein interaction maps for complete genomes based on fusion events. *Nature*. 402. 86-90.