



Βιοπληροφορική

Ενότητα 2^η: Ανάλυση ακολουθίας Ηλίας Καππάς Τμήμα Βιολογίας



Ευρωπαϊκή Ένωση
Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο



ΥΠΟΥΡΓΕΙΟ ΠΑΙΔΕΙΑΣ ΚΑΙ ΘΡΗΣΚΕΥΜΑΤΩΝ
ΕΙΔΙΚΗ ΥΠΗΡΕΣΙΑ ΔΙΑΧΕΙΡΙΣΗΣ

Με τη συγχρηματοδότηση της Ελλάδας και της Ευρωπαϊκής Ένωσης



ΕΥΡΩΠΑΪΚΟ ΚΟΙΝΩΝΙΚΟ ΤΑΜΕΙΟ

Άδειες Χρήσης

- Το παρόν εκπαιδευτικό υλικό υπόκειται σε άδειες χρήσης Creative Commons.
- Για εκπαιδευτικό υλικό, όπως εικόνες, που υπόκειται σε άλλου τύπου άδειας χρήσης, η άδεια χρήσης αναφέρεται ρητώς.



Χρηματοδότηση

- Το παρόν εκπαιδευτικό υλικό έχει αναπτυχθεί στα πλαίσια του εκπαιδευτικού έργου του διδάσκοντα.
- Το έργο «Ανοικτά Ακαδημαϊκά Μαθήματα στο Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης» έχει χρηματοδοτήσει μόνο τη αναδιαμόρφωση του εκπαιδευτικού υλικού.
- Το έργο υλοποιείται στο πλαίσιο του Επιχειρησιακού Προγράμματος «Εκπαίδευση και Δια Βίου Μάθηση» και συγχρηματοδοτείται από την Ευρωπαϊκή Ένωση (Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο) και από εθνικούς πόρους.



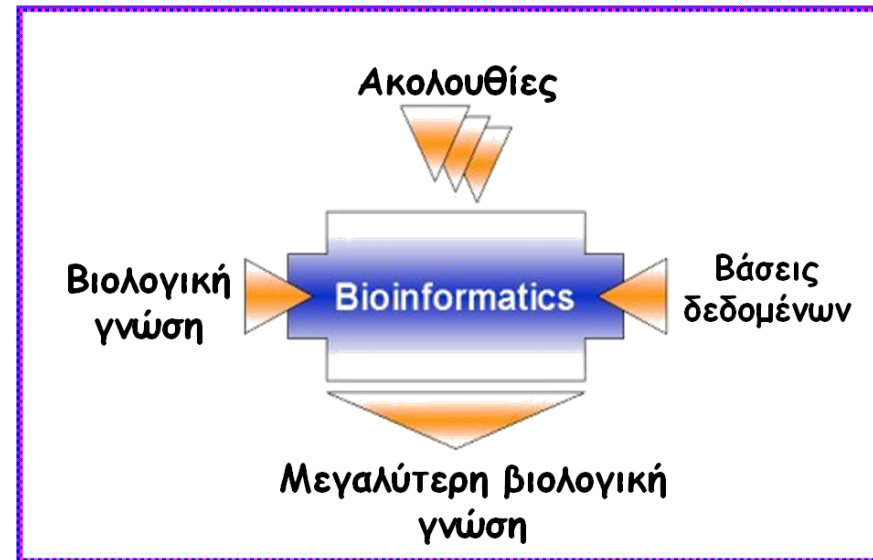
Περιεχόμενα ενότητας

- Ανάλυση ακολουθίας
- Βασικές αρχές
- Μορφοποίηση FASTA
- Εργαλεία ανάλυσης ακολουθιών
- Καθορισμός μεταγραφικής μονάδας
- Μετάφραση νουκλεοτιδικών αλληλουχιών



Ανάλυση ακολουθίας

- Ανάλυση ακολουθιών (sequence analysis) είναι η μελέτη βιολογικών αλληλουχιών με σκοπό την πρόβλεψη λειτουργιών, αλληλεπιδράσεων, εξελικτικών σχέσεων, και ίσως και της δομής βιολογικών μορίων.
- Με άλλα λόγια η διαδικασία με την οποία προσπαθούμε να μάθουμε τι κρύβει μια νουκλεοτιδική ή αμινοξική αλληλουχία, εφαρμόζοντας τεχνικές *in silico*.



Ανάλυση ακολουθίας - Βασικές αρχές

- Χρησιμοποιείτε προγράμματα από έμπιστα sites
 - (πανεπιστήμια, εταιρίες)
- Προσπαθήστε να έχετε εναλλακτικές λύσεις για κάθε πρόγραμμα που χρησιμοποιείτε συχνά
 - Διαβάστε τις οδηγίες. Ελέγξτε ποιο είναι το ζητούμενο input για κάθε πρόγραμμα
- Δε λειτουργούν όλα τα προγράμματα σε όλες τις περιπτώσεις. Κάποια προγράμματα έχουν σχεδιαστεί για συγκεκριμένο οργανισμό ή ομάδα οργανισμών (π.χ. ευκαρυώτες)



FASTA Format - Εξήγηση

Πρόκειται για τη μορφή ακολουθίας που αναγνωρίζουν και χρησιμοποιούν τα περισσότερα προγράμματα ανάλυσης.

Η πρώτη γραμμή αρχίζει πάντα με το **σύμβολο** ">" και μια σύντομη περιγραφή. Η περιγραφή μπορεί να αφορά οτιδήποτε επιθυμεί ο χρήστης. Ακολουθεί η αλληλουχία με 60-80 χαρακτήρες/στήλη (**ΧΩΡΙΣ ΚΕΝΑ ΚΑΙ ΝΟΥΜΕΡΑ**)

Όταν η ακολουθία λαμβάνεται από μια Βάση Δεδομένων (GenBank ή EMBL), η περιγραφή αντιπροσωπεύει τα παρακάτω :

- ✓ GenBank generated FASTA report:
>gb|accession|locus|description
- ✓ EMBL generated FASTA report:
>emb|accession|locus|description
- ✓ DDBJ generated FASTA report:
>dbj|accession|locus|description
- ✓ SWISS-PROT generated FASTA report:
>sp|accession|entry name
- ✓ nr (non-redundant) database generated FASTA report; sequences derived from other databases:
>gi|gi_identifier|accession of nucleotide sequence from which it was derived|description

Accession and *locus* refer to the **ACCESSION** and **LOCUS** numbers in the database.



FASTA Format

>emb1|U75687|DAU75687 *Drosophila auraria* heat shock protein 83 (hsp83) gene, complete cds.

```
cgtgtgcttgcaacgaaaaataagcttggaatttgcaattcttgccacaaagaaaagtga
aaatttataaatttttattctttattctgtgaatagaaagaaaaacatacaaggtgagtaa
ttaacttaaaagcaattaatcaagcacaaaagaaaatttgcaagaaaacgcacacgtctcgg
aatgctccttgaccatttgctgcccgaatattgattttaaagttctagaagccaagaatc
ggcattcgattaaatattctcttgctttaattgcataaaaagggtttttgcggtctcca
agggtgattcaacgcacacacacacacattcattcgcaaaaaatgcccggcttttcggc
tagatagctttctggaacttcttttccacgaatcatgaattaaacaatgtgcaaatag
gccgattaattagaaaacccttttttcttttagcccacacgtgggttttctctgcatctc
gattaccaaacacatttaaacacactttgcatatgtctcacacatacacagacgcatacg
catagaagccaatgagcaatgccccgcaaaaaatggcgtcagtttgtaaaaaaaacttaa
cacatttatataattcctttaattaggttttcttttatagttttttggtttttttcgttg
ccaaggagatgctgtttctcgactttctagatgtttccaattttcaatgtgcacacatac
atacacatgcatgtatacagtggtggtagagaaagagaaaagaagaaaaaaaagttaa
ttttcaactccatgtttaataaatttaatttaaaatttaaatgtaaaaaataaaatctaa
tagataaatcaaattatttaaatgcatgatgttaaaataatgcaatgggcatagtacaaa
tgcggttgctattttttcgactgctagtgtagatgctgtagatgctgtagatgctgtaga
aaaaagagaacaaagccaacaagcagctgttcagtttccaaatccgaatttactaa
tcccgctctaaatcccttacagatgcttgaggaagcagagaccttctcagcttccaggtgag
atcgctcagctgatgtcgtgatcatcaacacattctactcgaacaaggagatcttctcg
cgcgagttgatctcgaacgcctccgatgctctggacaagatccgctacgagctgctgact
gaccccagcaagcttgactctggcaaggagctgtacatcaagctcattcccaacaagacg
gcccggcacgctgaccatcatcgataccggtatcggcatgaccaagtcgatttggtcaac
aacctgggaaccatcgccaagtctggcacaaggcgttcatggaggctctgagggccggc
gcccagacatttccatgatcggtcagttcgggtggtgggtttctactccgcctacttggtcggc
gacaaggtgactgtcacctcgaagaacaacgatgacgagcagtagacatctgggagtcgtct
gcccggcggttccctcaccgtgcccgcctgcaactctgagcctcttggccgcccggcaccag
atcgttctgtacatcaaggaggatcagaccgattaccttgaggagagcaagatcaaggag
atcgtgaaacaagcactcgcagtttcacgctatcccatcaagctgctcgtcgagaaggag
cgcgagaaggagggtcagcagcagatgaggctgatgatgacaagaaggagcagagaagaag
gagatggacaccgatgagcccaagatcgaggatggttgccgaagatgaggatgaggacaag
aaggacaaggatgccaagaagaagaagaccatcaaggagaagtacaccgaggatgaggag
ctgaacaagaccaagccatctggactcgaaccccgatgatctcccaggaggaatc
ggcaggttctacaagtctctgaccaacgactgggaggaccatttgccgctgaagcacttc
tcgggtggagggacagttggagttccgcgctctgctcttcatccccgctcgcacccccctc
```

FASTA format

COURIER NEW – Η
αγαπημένη
γραμματοσειρά
των
αλληλουχιών



EMBL File Format

```
ID embl|U75687|DAU75687 standard; DNA; UNC; 3313 BP.
XX
DE embl|U75687|DAU75687 Drosophila auraria heat shock protein 83 (hsp83) gene,
DE complete cds.
SQ
Sequence 2460 BP;
CGTGTGCTTG CGAACGAAAA TAASCTTGTG AATTGCAAT TCTTGCACAA AGAAAAGTGA      60
AAATTATATA ATTTTATCTT TTATTCTGTG AATAGAAAGA AAAACATACA AGGTGAGTAA      120
TTAACCTAAA SCAATTAATC AAGCACAAAAG AAAATTGCA AGAAAACGCA CACGTCTCGG      180
AATGCTCTTG ACCCATTTGC CTGCCGAATA TTGATTTTAA AGTCTAGAA GCCAAGAATC      240
GGCATTCGAT TAAATATTTT CTGTGTTTAA TTGCATAAAA AGGTTTTTTC GGCGTCTCCA      300
AGGGTGATTC AASGCACACA CACACACACA TTCATTCGCA AAAAATGCGG GCTTTTCGGC      360
TAGATAGCTT TCTGAAACT TCTTTTCAC GAATCATGAA TTAACAATG TCAAAATTAG      420
GCCGATTAAT TAGAAAACC TTTTTCCTT TTAGCCACA CGTGGTTTTT CTGCAATTC      480
GATTACAAA CACATTTAAA CACTTTTGC ACATGCTCA CACATACACA GACGCATACG      540
CATAGAAGCC AATGAGCAAT GCGGCAAAA ATGGCGTACG TTTGTGAAAA AAAACTTAAA      600
CACATTTATA TATTCCTTTA ATTAGTTTTT CTTTATAGT TTTTGGTTT TTTTCGTTG      660
CCAAGGAGAT GCGTTTTTCT GACTTTCGAG ATGTTTCCAA TTTTGAATGT GCACACATAC      720
ATACACATGC ATGTATACAG TGGTGGTTAG AGAAAGAGAA AAGAAGAAA AAAAAGTTAA      780
TTTTCAACTC CATGTTTAAA TAAATTTAAT TAAAATTTT AATGTAAAAA TAAATCTAA      840
TAGATAAATC AAATATATTA AATGCATGAT GTTAAATAA TGCAAATGGC ATAGTACAAA      900
TGGGTTGCTT ATTTTTCGA CTGCTAGTGT AGATGCGTAG ATGCGCATGT GGTGGTGAAA      960
AAAAAAGAGA ACAAGCCAA ACAAGCAGCT GTTCAGTTT CCAAAATCCG ATTTTACTAA     1020
TCCCCTCAA ATCCCTTACA GATGCCTGAG GAAGCAGAGA CATTCCGTTT CCAGGCTGAG     1080
ATCGCTCAGC TGATGTCGCT GATCATCAAC ACATTCTACT CGAAACAAGGA GATCTTCTGT     1140
CGCGAGTTGA TCTCGAACGC CTCCGATGCT CTGGACAAGA TCCGCTACGA GTCGCTGACT     1200
GACCCAGCA AGCTTGACTC TGGC AAGGAG CTGTACATCA AGCTCATTCG CAACAAGAGC     1260
GCCGGCACGC TGACCATCAT CGATACCGGT ATCGGCATGA CCAAGTCCGA TTTGGTCAAC     1320
AACCTGGGAA CCATCGCCAA GTCTGGCACC AAGGCGTTCA TGGAGGCTCT GCAAGCCGGC     1380
GCCGACATTT CCATGATCGG TCAGTTCGGT GTGGGTTTCT ACTCCGCCTA CTTGGTGGCC     1440
GACAAGGTGA CTGTACCTC GAAGAACAAC GATGACGAGC AGTACATCTG GGAGTCGTCT     1500
GCCGGCGGTT CTTTACCCTG GCGCGCTGAC AACTCTGAGC CTCTTGGCCG GCGCACCAAG     1560
ATCGTTCTGT ACATCAAGGA GGATCAGACC GATTACCTTG AGGAGAGCAA GATCAAGGAG     1620
ATCGTGAACA AGCACTCGCA GTTCAATCGGC TATCCCATCA AGCTGCTCGT CGAGAAGGAG     1680
CGCGAGAAGG AGGT CAGCGA CGATGAGGCT GATGATGACA AGAAGGAGGA CGAGAAGAAG     1740
GAGATGGACA CCGATGAGCC CAAGATCGAG GATGTTGGCG AAGATGAGGA TGCGGACAAG     1800
AAGGACAAGG ATGCCAAGAA GAAGAAGACC ATCAAGGAGA AGTACACCGA GGATGAGGAG     1860
CTGAACAAGA CCAAGCCCAT CTGGACTCGC AACCCCGATG ATATCTCCCA GGAGGAATAC     1920
GGCGAGTTCT ACAAGTCTCT GACCAACGAC TGGGAGGACC ATTTGGCCGT GAAGCACTTC     1980
TCGGTGGAGG GACAGTTGGA GTTCCGCGCT CTGCTCTTCA TCCCCTGTCG CACCCCTTC     2040
GATCTGTTCC AGAACCAAAA GAAGCGCAAC AACATCAAGC TCTACGTGGC CGCGTGTTC     2100
ATCATGGACA ACTGGGAGGA TCTCATTCOC GAGTACTTGA ACTTCATCAA GGGCGTGGTC     2160
GACTCTGAGG ATCTGCCTCT GAACATCTCC CGTGAGATGT TGCAGCAGAA CAAGGTGCTG     2220
AAGGTGATCC GCAAGAACTT GGTCAAGAAG ACCATGGAGC TGATCGAGGA GCTGACCGAG     2280
GACAAGGAGA ACTACAAGAA GTTCTACGAC CAGTTCAGCA AGAACCTTAA GCTGGGCGTG     2340
CACGAGGACA GCAACAACCG CGCCAAGCTG GCGCAATTCT TCGCTTCCA CACCTCCGCG     2400
TCTGGCGAGC ATTTCTGCTC CCGTCCGAC TACGTGTCGC GCATGAAGGA GAACCAGAAG     2460
```

→ Η πρώτη γραμμή στην καταχώρηση από την οποία προέρχεται η ακολουθία – EMBL identifier

→ Γραμμή DE - Περιγραφή ακολουθίας

→ 4η γραμμή – Ξεκινά με τα γράμματα SQ, στη συνέχεια το μέγεθος της ακολουθίας σε bp

→ 5η γραμμή – Αρχή ακολουθίας

Τέλος αλληλουχίας



Genomatix

Genomatix: Αποτελεί ένα εργαλείο για την ανάλυση DNA ακολουθιών (αλλαγή format μιας ακολουθίας, ποσοστά βάσεων, reverse complement κλπ).

<http://www.genomatix.de/cgi-bin/tools/tools.pl>



Mobyle@Pasteur

- Mobyle@Pasteur: Αποτελεί μια διαδικτυακή πύλη ποικίλων βιοπληροφορικών αναλύσεων.

<http://mobyle.pasteur.fr/cgi-bin/portal.py#welcome>

- Παρέχει τη δυνατότητα για ένα μεγάλο εύρος αναλύσεων: εύρεση μοτίβων, εύρεση θέσεων κοπής ενζύμων περιορισμού, αναζήτηση γονιδίων, αναζήτηση μεταγραφικών παραγόντων, εύρεση αντίστροφης και συμπληρωματικής αλυσίδας.

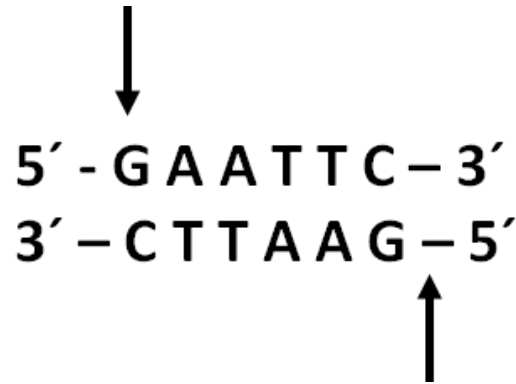


Mobyle@Pasteur - revseq

- Από την ιστοσελίδα του Mobyle@Pasteur, επιλέγεται το πρόγραμμα revseq (εύρεση αντίστροφης και συμπληρωματικής αλυσίδας)
<http://mobyle.pasteur.fr/cgi-bin/portal.py#forms::revseq>
- Εισάγεται η ακολουθία στην κατάλληλη περιοχή
- Επιλέγεται το format στο οποίο θα γίνει εξαγωγή των αποτελεσμάτων και στη συνέχεια **Run**
- Γίνεται εξαγωγή του αποτελέσματος



Restriction Analysis



**ΠΟΣΟ ΓΡΗΓΟΡΑ ΚΙ ΕΥΚΟΛΑ ΜΠΟΡΕΙΤΕ ΝΑ
ΑΝΑΖΗΤΗΣΕΤΕ ΤΟ ΜΟΤΙΒΟ ΜΕΣΑ ΣΕ ΜΙΑ ΑΚΟΛΟΥΘΙΑ
2000 bp?**

**Με άλλα λόγια η ακολουθία που μελετάτε περιέχει
θέση αναγνώρισης του ενζύμου περιορισμού *EcoRI*?**



Mobyle@Pasteur – remap (1/2)

- Από την ιστοσελίδα του Mobyle@Pasteur, επιλέγεται το πρόγραμμα remap (εμφάνιση ακολουθίας με θέσεις αναγνώρισης ενζύμων περιορισμού)

<http://mobyle.pasteur.fr/cgi-bin/portal.py#forms::remap>

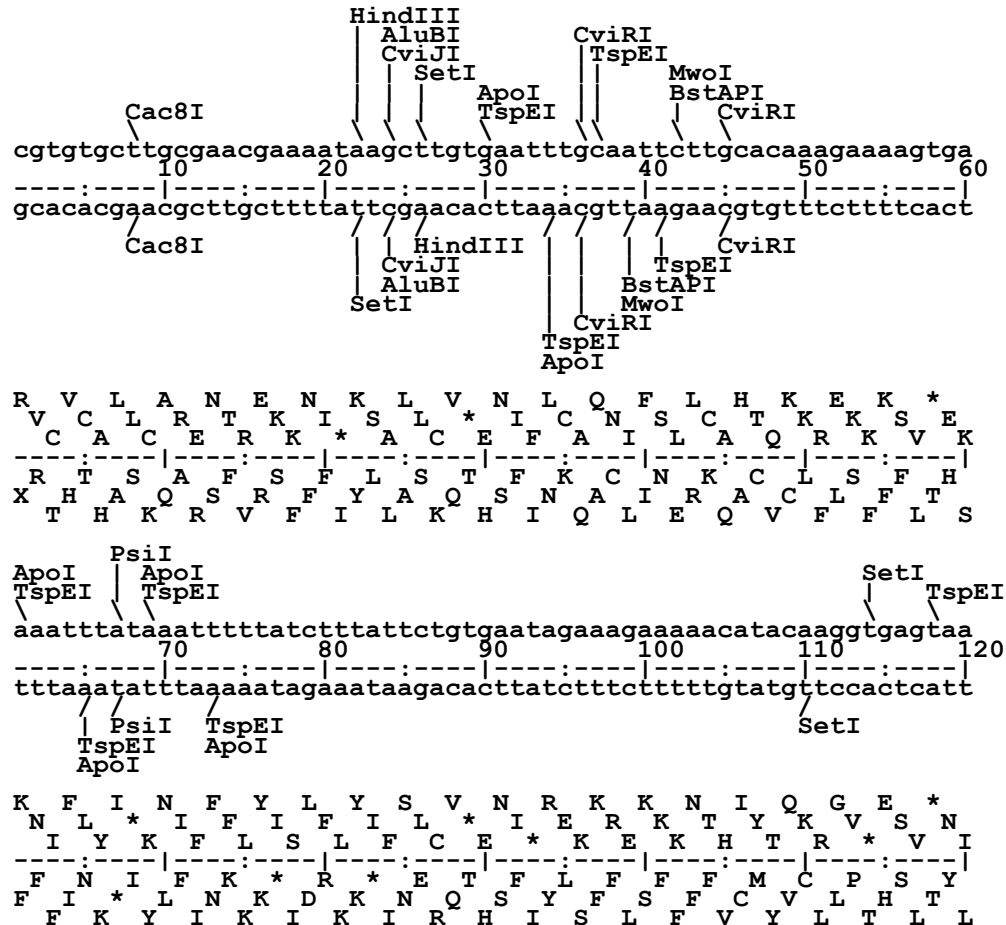
- Εισάγεται η ακολουθία στην κατάλληλη περιοχή
- Επιλέγονται οι κατάλληλες ρυθμίσεις και στη συνέχεια **Run**
- Γίνεται εξαγωγή του αποτελέσματος



Mobyle@Pasteur – remap (2/2)

Αποτέλεσμα του remap

DAU75687
Drosophila auraria heat shock protein 83 (hsp83) gene, complete cds.

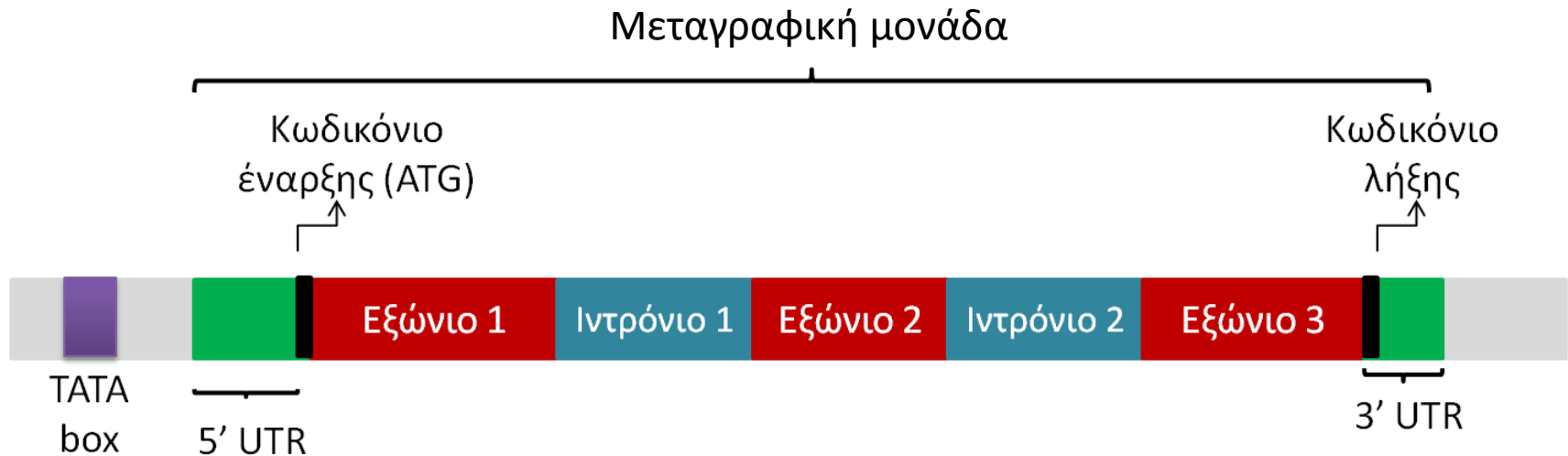


Mobyle@Pasteur - fuzznuc

- Από την ιστοσελίδα του Mobyle@Pasteur, επιλέγεται το πρόγραμμα fuzznuc (εύρεση μοτίβων σε μια νουκλεοτιδική ακολουθία)
<http://mobyle.pasteur.fr/cgi-bin/portal.py#forms::fuzznuc>
- Εισάγεται η ακολουθία στην κατάλληλη περιοχή
- Εισάγεται το μοτίβο που αναζητείται (π.χ. taatta) και στη συνέχεια επιλέγεται **Run**
- Γίνεται εξαγωγή του αποτελέσματος (αναφέρονται οι θέσεις στις οποίες βρέθηκε το μοτίβο)



Καθορισμός μεταγραφικής μονάδας



GENSCAN

- GENSCAN: Εύρεση γονιδίων

<http://genes.mit.edu/GENSCAN.html>

- Εισάγεται η ακολουθία στην κατάλληλη περιοχή
- Επιλέγεται ο οργανισμός από τον οποίο προέρχεται η ακολουθία και **Run GENSCAN**
- Γίνεται εξαγωγή του αποτελέσματος (θέσεις εξωνίων, προβλεπόμενη πεπτιδική ακολουθία)



Berkeley Drosophila Genome Project

- Παρέχει τη δυνατότητα για πρόβλεψη θέσεων ματίσματος

http://www.fruitfly.org/seq_tools/splice.html

- Εισάγεται η ακολουθία στην κατάλληλη περιοχή
- Επιλέγεται ο οργανισμός από τον οποίο προέρχεται η ακολουθία και **Submit**
- Γίνεται εξαγωγή του αποτελέσματος (θέσεις εξωνίων, ιντρονίων)



NCBI - ORF Finder

- Ανάλυση ακολουθίας μπορεί να πραγματοποιηθεί και από την ιστοσελίδα του NCBI

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/guide/sequence-analysis/>

- Επιλέγεται το εργαλείο ORF Finder

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html>

- Εισάγεται η ακολουθία στην κατάλληλη περιοχή
- Επιλέγεται ο κατάλληλος γενετικός κώδικας και **OrfFind**
- Γίνεται εξαγωγή του αποτελέσματος (αναγνωστικά πλαίσια)

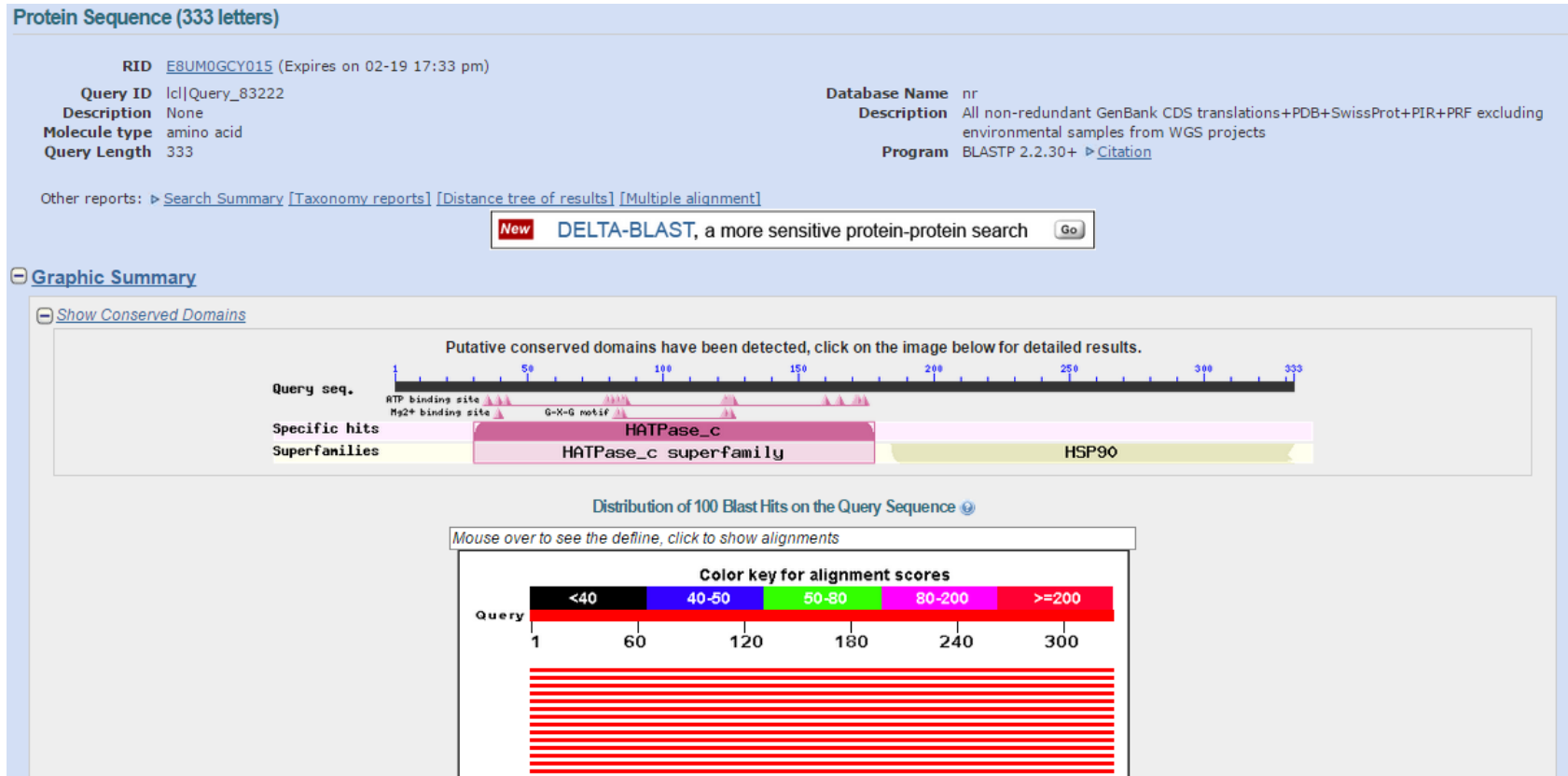


NCBI – ORF Finder

- Επιλέγεται ένα από τα ανοιχτά αναγνωστικά πλαίσια
- Πραγματοποίηση ανάλυσης με το BLAST
- Επιλέγεται ο κατάλληλος τύπος του blast και στη συνέχεια **BLAST**
- Στο παράθυρο που προκύπτει επιλέγεται **View report**
- Γίνεται εξαγωγή των αποτελεσμάτων (εάν υπάρχει ομοιότητα με κάποια κατατεθειμένη ακολουθία την εμφανίζει)
- Συνήθως ένα από τα αναγνωστικά πλαίσια θα βρεθεί ότι κωδικοποιεί κάποια πρωτεΐνη



NCBI - ORF Finder



Εικόνα 1: Παράδειγμα αποτελεσμάτων μετά την ανάλυση με το blastp.



Μετάφραση ακολουθίας

**Υπάρχει εναλλακτική λύση πιθανά
πιο γρήγορη?**

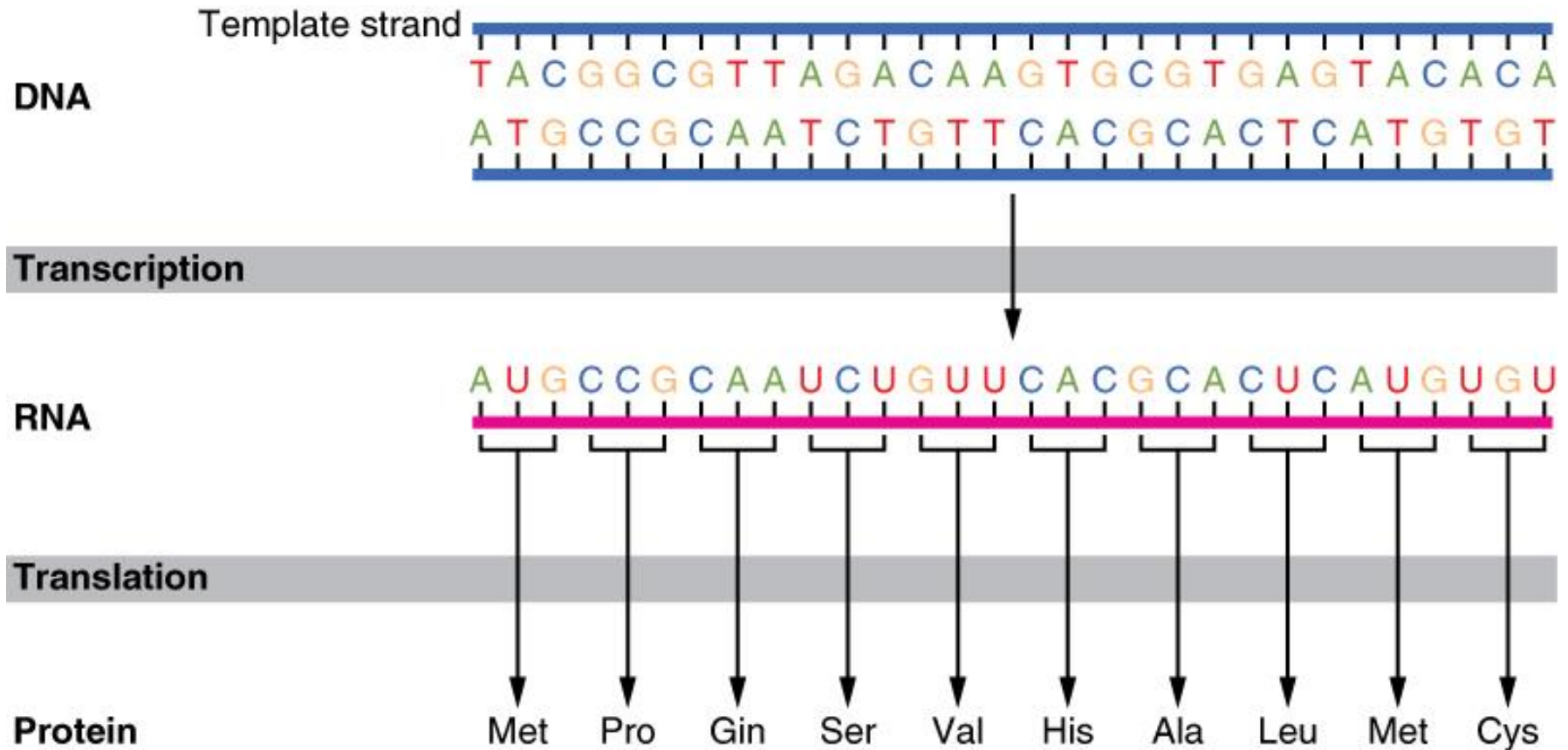


BLASTx

- Από την ιστοσελίδα του BLAST επιλέγεται το blastx
[http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastx
&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome](http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastx&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome)
- Εισάγεται η ακολουθία στην κατάλληλη περιοχή
- Επιλέγεται ο κατάλληλος γενετικός κώδικας και **BLAST**
- Γίνεται εξαγωγή των αποτελεσμάτων (πρωτεΐνη που κωδικοποιεί η συγκεκριμένη νουκλεοτιδική ακολουθία, εφόσον είναι κατατεθειμένη, ή συγγενικές πρωτεΐνες που μοιάζουν με την ακολουθία που αναζητείται)



DNA → RNA → Protein



Εικόνα 2: Μετάφραση DNA



Μετάφραση νουκλεοτιδικών αλληλουχιών

ΠΑΡΑΜΕΤΡΟΙ

- Μετάφραση και στα 6 πιθανά αναγνωστικά πλαίσια
- Κάποιοι οργανισμοί δε χρησιμοποιούν τον standard γενετικό κώδικα
- Εναλλακτικά κωδικόνια έναρξης
- Αμινοξέα υπό μορφή ενός ή τριών γραμμάτων



The Bio-Web

- Περιλαμβάνει νέα, εργαλεία, βιβλία, πηγές και ανάπτυξη διαδικτυακών εφαρμογών που αφορούν τη Μοριακή και Κυτταρική Βιολογία καθώς και την Βιοπληροφορική

<http://www.cellbiol.com/>

- Περιλαμβάνει πολλά εργαλεία για την ανάλυση αλληλουχιών



Σημείωμα Χρήσης Έργων Τρίτων

- Εικόνα 2: http://commons.wikimedia.org/wiki/File:0324_DNA_Translation_and_Codons.jpg, by OpenStax College, CC BY 3.0, <http://creativecommons.org/licenses/by/3.0/deed.en>



Σημείωμα Αναφοράς

Copyright Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης,
Ηλίας Καππάς, «Βιοπληροφορική, Ανάλυση
ακολουθίας». Έκδοση: 1.0. Θεσσαλονίκη 2014.
Διαθέσιμο από τη δικτυακή διεύθυνση:
http://opencourses.auth.gr/eclass_courses.



Σημείωμα Αδειοδότησης

Το παρόν υλικό διατίθεται με τους όρους της άδειας χρήσης Creative Commons Αναφορά - Παρόμοια Διανομή [1] ή μεταγενέστερη, Διεθνής Έκδοση. Εξαιρούνται τα αυτοτελή έργα τρίτων π.χ. φωτογραφίες, διαγράμματα κ.λ.π., τα οποία εμπεριέχονται σε αυτό και τα οποία αναφέρονται μαζί με τους όρους χρήσης τους στο «Σημείωμα Χρήσης Έργων Τρίτων».



Ο δικαιούχος μπορεί να παρέχει στον αδειοδόχο ξεχωριστή άδεια να χρησιμοποιεί το έργο για εμπορική χρήση, εφόσον αυτό του ζητηθεί.

[1] <http://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>





Σας ευχαριστώ!

Ηλίας Καππάς, Λέκτορας Τμήματος
Βιολογίας Α.Π.Θ.



Ευρωπαϊκή Ένωση
Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο



ΥΠΟΥΡΓΕΙΟ ΠΑΙΔΕΙΑΣ ΚΑΙ ΘΡΗΣΚΕΥΜΑΤΩΝ
ΕΙΔΙΚΗ ΥΠΗΡΕΣΙΑ ΔΙΑΧΕΙΡΙΣΗΣ

Με τη συγχρηματοδότηση της Ελλάδας και της Ευρωπαϊκής Ένωσης



ΕΥΡΩΠΑΪΚΟ ΚΟΙΝΩΝΙΚΟ ΤΑΜΕΙΟ



Τέλος ενότητας

Επεξεργασία: Στυλιανή Μηνούδη
Θεσσαλονίκη, Εαρινό εξάμηνο 2014



Ευρωπαϊκή Ένωση
Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο



ΥΠΟΥΡΓΕΙΟ ΠΑΙΔΕΙΑΣ ΚΑΙ ΘΡΗΣΚΕΥΜΑΤΩΝ
ΕΙΔΙΚΗ ΥΠΗΡΕΣΙΑ ΔΙΑΧΕΙΡΙΣΗΣ

Με τη συγχρηματοδότηση της Ελλάδας και της Ευρωπαϊκής Ένωσης



ΕΥΡΩΠΑΪΚΟ ΚΟΙΝΩΝΙΚΟ ΤΑΜΕΙΟ

Διατήρηση Σημειωμάτων

Οποιαδήποτε αναπαραγωγή ή διασκευή του υλικού θα πρέπει να συμπεριλαμβάνει:

- το Σημείωμα Αναφοράς
- το Σημείωμα Αδειοδότησης
- τη δήλωση Διατήρησης Σημειωμάτων
- το Σημείωμα Χρήσης Έργων Τρίτων

μαζί με τους συνοδευόμενους υπερσυνδέσμους.

