





دانشگاه شاهرود

مدیریت تحصیلات تکمیلی

دانشکده علوم پایه

گروه زیست شناسی

پایان نامه جهت اخذ درجه کارشناسی ارشد در رشته ژنتیک

عنوان:

**توالی یابی گزینشی ژن های *Semaphorine 3 A*، *Semaphorine 7 A* و
Caveoline 1 در نمونه خون مبتلایان به بیماری MS در استان مازندران**

استاد راهنما:

دکتر محمد حدادی

استاد مشاور:

دکتر عباس محمد پور لموکی

نگارش:

اسرا اندروا

پاییز 1403

چکیده

مولتیپل اسکلروزیس یا تصلب بافت چندگانه (Encephalomyelitis disseminate) یا (Multiple sclerosis) که با نام اختصاری MS شناخته می‌شود یک بیماری التهابی است که در آن غلاف‌های میلین سلول‌های عصبی در مغز و نخاع آسیب می‌بینند. در مطالعه حاضر، هدف ما بررسی توالی بخشی از سکونس ژنهای سمافورین، A3 سمافورین A7 و کاوئولین 1 و در خون محیطی بیماران مبتلا به MS و مقایسه با افراد سالم به منظور تعیین الگوی توالی ژنی افتراقی آنها در شرایط سالم و بیماری میباشد. بدین منظور این مطالعه بر روی 25 بیمار مبتلا به بیماری MS و 25 فرد سالم به عنوان گروه کنترل انجام گرفت. سپس سکونس ژن‌های مدنظر در خون محیطی این افراد به روش Real time PCR صورت گرفت. نتایج نشان داد که تفاوت معناداری در توالی سکونس بخشی از ژن‌های مورد بررسی بین افراد بیمار و سالم در این مطالعه با توالی مرجع وجود ندارد. اما در مقابل در مطالعات بیوانفورماتیک شامل بالک و سینگل سل میزان بیان ژن معنی داری برای ژن‌های سمافورین، A3 سمافورین A7 و کاوئولین 1 در سطح تک سلول T Cell CD4+ و T Cell CD8+ مشاهده گردید. بنابراین با توجه به نتایج تکنیک سینگل سل و بالک میتوان از این ژن‌ها برای بیومارکر پیش‌آگهی و درمان مبتنی بر فرد محور در بیماران MS استفاده کرد.

کلمات کلیدی: بیماری MS، سمافورین A7، کاوئولین 1، سکونس ژن

Abstract

Multiple Sclerosis (Encephalomyelitis Disseminata), commonly referred to as MS, is an inflammatory disease in which the myelin sheaths of nerve cells in the brain and spinal cord are damaged. In this study, our aim was to analyze the sequence of specific gene segments, including *Semaphorin 3A*, *Semaphorin 7A*, and *Caveolin-1*, in the peripheral blood of MS patients and compare them with healthy individuals to determine the differential gene sequence pattern in healthy and diseased conditions. This study was conducted on 25 MS patients and 25 healthy individuals as a control group. The sequencing of the target genes in the peripheral blood of these individuals was performed using the Real-Time PCR method. The results showed no significant difference between the gene sequences of the studied individuals and the reference sequence in this study. However, bioinformatics analyses, including bulk and single-cell studies, revealed significant gene expression levels for *Semaphorin 3A*, *Semaphorin 7A*, and *Caveolin-1* at the single-cell level in CD4⁺ T cells and CD8⁺ T cells. Thus, based on the findings from single-cell and bulk techniques, these genes could potentially be used as prognostic biomarkers and for personalized therapy in MS patients.

Key words: MS disease, semaphorin 7A, caveolin 1, gene sequence



University of zabol

Faculty of science

Department of biology

The Thesis Submitted for the Degree of Master of Science

Title:

**Selective Sequencing of *Semaphorine 3A*, *Semaphorine 7A* and *Caveoline 1*
Genes in Blood Sample of MS Patients in Mazandaran Province**

Supervisor:

Dr.Mohammad Haddadi

Advisor:

Dr.Abbas Mohammadpor

By:

Asra Andarva

Autumn 2024