

АНОТАЦІЯ

Молекулярно-генетичними, статистичними та біоінформатичними методами проаналізовано поліморфізми у фрагментах генів *BRCA1* і *BRCA2* у собак з пухлинами молочних залоз (20 собак) та умовно здорових собак (12 собак), та їх асоціацію з розвитком пухлин у молочних залозах (ПМЗ), а також проведено порівняльний аналіз послідовностей відповідних білків у найпопулярніших модельних об'єктів.

Було створено банк ДНК собак, проведено пошук поліморфізмів у фрагментах генів: інтрон 9 та екзон 10 в гені *BRCA1*, а також екзон 23, інтрон 23 та екзон 24 в гені *BRCA2*, встановлено вплив експериментально знайдених поліморфних варіантів на структурно-функціональні особливості білків BRCA виду *Canis lupus familiaris*, визначено найбільш близькі білки BRCA1 і BRCA2 до таких людини серед 12 найпопулярніших модельних організмів, проаналізовано функціональні структури білків BRCA у модельних організмів та визначено їх найбільш консервативні домени.

В ході проведеного дослідження з 8 проаналізованих SNP було виявлено 6 мономорфних і 2 поліморфних варіанти. Поліморфні варіанти спостерігали в позиції g.7747514 в інтроні 23 гена *BRCA2* (rs852642647) і в позиції g.19985052 (rs851598157) в екзоні 10 гена *BRCA1*. Частоти появи мінорних алелей відповідно становлять 0,050 та 0,083 в групі собак з ПМЗ. Вірогідної асоціації цих поліморфізмів у собак з ПМЗ не виявлено ($p > 0,005$). Оскільки про генетичну схильність до розвитку ПМЗ у собак мало що відомо, а пухлини собак є потенційною моделлю для вивчення раку грудної залози людини, то роль знайдених у цьому дослідженні поліморфних варіантів може бути значущою для патогенезу новоутворень в молочних залозах.

Кваліфікаційна робота викладена на 55 сторінках, ілюстрована 10 таблицями, 11 рисунками та включає в себе додатки (Додаток А1, А2). Список використаних джерел включає 75 робіт.

Ключові слова: поліморфізм генів *BRCA1* та *BRCA2*, пухлини молочних залоз, рак грудної залози, оптимальна модель, собаки.

Перекупко І.В.