АНОТАЦІЯ

Родини ферментів системи редагування РНК ADAR і APOBEC є підґрунтям для розуміння захисних властивостей організму в умовах виникнення захворювань різного походження, зокрема вірусного. Відомо, що різноманітні генетичні варіації, у тому числі і так звані однонуклеотидні поліморфізми, можуть виступати у якості факторів розвитку багатьох вірусних хвороб та корелювати зі ступенем важкості їхнього перебігу. В умовах поточної пандемії COVID-19 всебічно досліджується збудник цієї хвороби – вірус SARS-CoV-2, а саме взаємодії на рівні «збудник-геном господаря». Однак досі не існує жодних відомостей про наявність чи відсутність якогось зв'язку між однонуклеотидними полімофізмами генів ферментів системи редагування РНК та COVID-19.

Тому мета нашої роботи була націлена на виявлення цього зв'язку серед пацієнтів з легким та середньо-важким ступенем важкості перебігу коронавірусного захворювання в українській популяції. Для дослідження було обрано однонуклеотидний поліморфізм гена ферменту *ADAR* rs4845384.

Для виявлення алельних носіїв та подальшого розрахунку алельних та генотипових частот було проведено виділення ДНК з доступних біоматеріалів (цільна кров, плазма, клітинна фракція лейкоцитів) та процедуру генотипування зразків.

У результаті статистичної обробки даних з'ясували, що варіант гена *ADAR* rs4845384, який у гетерозиготному стані частіше спостерігається у пацієнтів з середньо-важким перебігом захворювання, є перспективним кандидатом для подальшого дослідження його кореляції зі ступенем важкості перебігу COVID-19 та окреслення можливої групи ризику.

Кваліфікаційна робота викладена на 42 сторінках, ілюстрована 5 таблицями та 7 рисунками. Список використаних джерел включає 57 робіт.

Ключові слова: COVID-19, однонуклеотидні поліморфізми, *ADAR* rs4845384.