

АНОТАЦІЯ

Метою роботи було отримати сиквенс транскриптому тканин лушпини генетично модифікованих мініпігів за геном *HTT* шляхом створення РНК-бібліотеки з метою характеристики модельних тварин та детального вивчення молекулярних механізмів патогенезу хореї Гантінгтона.

Для досягнення поставленої мети було проведено генотипування тварин, генетично модифікованих методом knock-in, та поділ їх на дослідні групи. Для створення бібліотеки було відібрано зразки тканин лушпини 12 мініпігів: контрольної групи 12 місячних тварин (дикого типу), групи 12 місячних генетично модифікованих тварин, контрольної групи 18 місячних тварин (дикого типу) та групи 18 місячних генетично модифікованих тварин. Модифіковано протокол виділення РНК з тканин лушпини мозку з урахуванням зміни співвідношення «TRI Reagent» та хлороформу до тканин для отримання вільних від ДНК зразків з високими показниками RIN. Виділено мРНК та синтезовано 12 бібліотек з середнім розміром 447 - 538 пн на основі РНК з високими показниками RIN. Отримані бібліотеки було об'єднано в єдиний пул для проведення секвенування.

Кваліфікаційна робота викладена на 50 сторінках, ілюстрована 11 рисунками. Список використаних джерел включає 97 робіт.

Ключові слова: хвороба Гантінгтона, лушпина, РНК-бібліотека, транскриптом.