

АНОТАЦІЯ

Оскільки світлоклітинний рак нирки дуже погано діагностується на ранніх стадіях, а після початку метастазування, навіть за умов радикального лікування, спричиняє високу смертність, актуальним є пошук генів-кандидатів для ранньої неінвазивної діагностики захворювання. Ефективними методами пошуку цих маркерів може слугувати перевірка статусу метилування CpG острівців промоторів генів та аналіз втрати гетерозиготності за STR маркерами.

Метою роботи був аналіз генетичних і епігенетичних маркерів генів-онкосупресорів *CDKN2A* (*p14* та *p16* ізоформ) та *RASSF1* на геномній ДНК виділеній з пухлинних і припухлинних ділянок світлоклітинного раку нирки.

В результаті досліджень було визначено втрату гетерозиготності у 3,3% інформативних зразків за D9S916 маркером та у 9,0% за D9S974 маркером гена *CDKN2A*. За маркером D3S1568 гена *RASSF1* втрата гетерозиготності спостерігається у 11,1% пацієнтів. Всі пацієнти з LOH мали початкову стадію хвороби і одужали, а рецидив виник у інших 3 пацієнтів. Метилування промоторних ділянок гена *CDKN2A p14* ізоформи виявлено у 77,7% пацієнтів, *p16* ізоформи у 55,5%. З огляду на отримані результати можна запропонувати визначення метилування промоторних ділянок гена *CDKN2A* в якості кандидатів для створення тест-системи ранньої неінвазивної діагностики раку нирки в плазмі крові.

Кваліфікаційна робота викладена на 49 сторінках, ілюстрована 8 рисунками. Список використаних джерел включає 48 робіт.

Ключові слова: світлоклітинний рак нирки, гени кандидати, *CDKN2A*, *RASSF1*, статус метилування, втрата гетерозиготності.

Сербай

