

АНОТАЦІЯ

У роботі проведено аналіз експресії гена *CR16* у панелі клітинних ліній людини методом кількісної ПЛР у реальному часі та досліджено рівень експресії білка методом вестерн-блот аналізу. Встановлено, що рівень експресії гена *CR16* є клітинно-специфічним та суттєво варіює залежно від походження клітин. Найвищі значення експресії виявлено у клітинних лініях PNT2, DU145, SH-SY5Y, KRC/Y та 5637. Показано, що рівень експресії білка *CR16* також характеризується значною гетерогенністю та не повністю корелює з рівнем мРНК. Найвищий вміст білка виявлено у клітинних лініях HaCaT, MDA-MB-468, HEK293, HT-29 та T47D. Отримані результати свідчать про складні механізми регуляції експресії *CR16* на транскрипційному та посттранскрипційному рівнях.

Для вивчення міжбілкових взаємодій *CR16* використано метод GST Pull-Down аналізу. Встановлено, що білок *CR16* здатний взаємодіяти з компонентами сигнальних комплексів, пов'язаних із тирозинкіназними сигнальними шляхами. Отримані результати підтверджують адаптерну функцію *CR16* та його потенційну участь у регуляції клітинної міграції, проліферації та інвазивності.

Результати роботи розширюють сучасні уявлення про біологічну роль білка *CR16* та можуть бути використані у подальших фундаментальних дослідженнях молекулярних механізмів клітинної сигналізації, а також для пошуку нових біомаркерів і потенційних терапевтичних мішеней.

Кваліфікаційна робота викладена на 49 сторінках, ілюстрована 8 рисунками. Список використаних джерел включає 61 посилання.

Ключові слова: *CR16*, WIPF3, експресія генів, актиновий цитоскелет, клітинна сигналізація, адаптерні білки.