АНОТАЦІЯ

Методом полімеразної ланцюгової реакції в реальному часі були визначені рівні експресії PANDAR, *TNF* та *TGF-β* у зразках пацієнтів, хворих на рак сечового міхура. Факт наявності метилювання генів був визначений за результатами вертикального електрофорезу в агарозному гелі після попередньої бісульфітної обробки за допомогою комерційного набору та класичної ПЛР. Під час виконання роботи зразки пухлин, умовно нормальних тканин та сечі пацієнтів, отриманих за домовленістю з Національним інститутом рака та згодою сторін, транспортувались у рідкому азоті та аналізувались за наступною схемою, представленою у спрощеному вигляді: виділення нуклеїнових кислот рідкофазним методом фенольно-хлороформної екстракції, синтез комплементарної ДНК, постановка ПЛР у реальному часі, статистична обробка результатів.

Було показано, що рівень експресії генів довгої некодуючої РНК PANDAR, а також генів *TGF-β* та *TNF* у біологічних рідинах хворих на рак сечового міхура не відрізнявся від рівня експресії цих генів в умовно нормальних тканинах. Також, в результаті статистичного аналізу рівнів експресії, не було виявлено кореляційних зв'язків між групами пацієнтів, що відрізнялися за фактом отримання терапії, стадією захворювання та гістологічним класом пухлини.

Також, виявлено високий рівень метилювання генів *VIM*, *TMEFF*, *GDF15*, *RASSF1A*, *NKX3.1* та *MYO3A* у вибірці хворих на рак сечового міхура. Отже, прогностична цінність запропонованих епігенетичних маркерів потребує подальшого вивчення.

Кваліфікаційна робота викладена на 56 сторінках, ілюстрована 6 рисунками, 2 таблицями та 6 гістограмами. Список використаних джерел включає 67 робіт.

Ключові слова: довга некодуюча РНК, метилювання, онкосупресори.