

s 2022 0056

Изобретение относится к медицине, в частности к молекулярной генетике, гинекологии и онкологии, и может быть использовано для прогнозирования течения рака эндометрия I-II стадии.

Сущность изобретения состоит в том, что осуществляют анализ выделенной геномной ДНК с использованием реакции цепной полимеризации, где устанавливают наличие эпимутации MLH1, в случае если определяют ее наличие, прогнозируют неблагоприятное течение рака эндометрия, а в случае, если не устанавливают наличие мутации, прогнозируют благоприятное течение заболевания.

П. формулы: 1