



AZƏRBAYCAN ELM FONDU

Azərbaycan Elm Fondunun
Ümummilli Lider Heydər Əliyevin 100-illik
yubileyinə həsr olunmuş
“Əsas qrant müsabiqəsi-2023” ün
(AEF-MCG-2023-1(43)) qalibi olmuş
layihənin yerinə yetirilməsi üzrə aralıq
(rüblük olaraq 3-cü mərhələ)

ELMI-TEXNİKİ HESABAT

Layihənin adı: **Azərbaycanda onkoloji xəstəliklər üzrə populyasiyaya spesifik genetik mutasiya spektrinin identifikasiyası**

Layihə rəhbərinin soyadı, adı və atasının adı: **Vəliyeva Həqiqət Qənimət qızı**

Layihənin nömrəsi: **AEF-MCG-2023-1(43)-13/08/3-M-08**

Müqavilənin imzalanma tarixi: **09 yanvar 2024-cü il**

Qrant layihəsinin yerinə yetirilmə müddəti: **24 ay**

Layihənin icra müddəti (başlama və bitmə tarixi): **01 fevral 2024-cü il – 01 fevral 2026-cı il**

Layihənin III mərhələ üzrə (rüb) məbləği:

Hesabatda aşağıdakı məsələlər işıqlandırılmalıdır:

1	<p>Layihənin həyata keçirilməsi üzrə cari rübdə yerinə yetirilmiş elmi işlər</p> <p>Cari layihənin III rübündə Azərbaycan Tibb Universitetinin Onkoloji klinikasına müraciət edən və süd vəzi xərçəngi, yumurtalıq, mədə və yoğun bağırsağ xərçəngi diaqnozu qoyulmuş pasiyentlərin anamnez məlumatları sistemləşdirilərək qan nümunələri toplanılmışdır.</p> <p>Həmçinin, müqayisəli molekulyar analizlərin aparılması üçün irsiyyətində sadalanan xərçəng xəstəliyi olmayan, sağlam, yaş və cinsiyyət faktorları baxımından uyğun şəxslər isə kontrol qrupu kimi tədqiqata daxil edilmiş və onların da məlumatları sistemləşdirilmişdir. Xərçəng xəstəliyi aşkarlanan xəstələrdə ilkin etapda xərçəngin mərhələ və dərəcəsi təyin edilmişdir. Sonrakı etapda isə tədqiqat qruplarında genetik tədqiqatların aparılması üçün 3-4 ml EDTA-lı qan nümunələri toplanılmış və əldə edilən biomateriallar AR ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun İnsan Genetikası Laboratoriyasına transfer edilmişdir. İnsan Genetikası Laboratoriyasında isə qanlardan DNT ekstraksiyası proseduru icra edilmişdir. Eyni zamanda İnstitutun İnsan Genetikası Laboratoriyasında retrospektiv nümunələr də qiymətləndirildikdən sonra DNT-nin miqdarı təyin edilmiş və uyğun DNT nümunələri tədqiqata daxil edilmişdir.</p> <p>Tədqiqat işində cari mərhələsində süd vəzi xərçəngi və yoğun bağırsağ xərçəngi diaqnozu qoyulan pasiyentlərdə və kontrol qrupunda <i>hMLH1</i> və <i>hMSH2</i> genləri üzrə protokollar optimallaşdırılmışdır.</p>
----------	--

Hər bir genin hədəflənən nahiyyələrinə spesifik praymerlər vasitəsilə ilk növbədə PZR reaksiyaları üçün işçi məhlullar hazırlanmış, PZR reaksiyaları qoyulmuş və hər bir gen üzrə protokollar dəqiqləşdirilmişdir. Aqaroz gel elektroforezi vasitəsilə amplikonlar qiymətləndirilmiş və bir sonrakı mərhələ üçün hazır vəziyyətə gətirilmişdir.

DNT reparasiyası genlərindən biri olan *hMLH1* geni ilə müxtəlif xərçəng xəstəlikləri arasında o cümlədən, süd vəzi xərçənginin inkişafı arasında əlaqənin olduğu bildirilmişdir. Cari mərhələdə süd vəzi xərçəngi diaqnozu qoyulan xəstələrdə *hMLH1* geninin -93G>A polimorfizmini müqayisəli tədqiq edilərək, genotip və allel tezlikləri ilə xəstəlik riski arasındakı əlaqə tədqiq edilmişdir. Tədqiqat qruplarından DNT ekstraksiya edilmiş, DNT-nin kəmiyyət və keyfiyyəti spektrofotometrik üsulla (Nanodrop 2000/2000c) ölçülmüş, davamında isə PZR-RFLP metodları ilə 2%-li aqaroz gəldə genotiplər müəyyən edilmişdir. NEB firmasının təqdim etdiyi PvuII restriktaza fermentinin 386 bp-lik PCR amplikonlarına təsiri nəticəsində fraksiyalar alınmaqla genotiplər təyin edilmişdir. Belə ki, restriktaza fermentinin təsirindən fraksiyalara ayrılmayan 386 bp DNT fraksiyası alındıqda bu homoziqot normal GG, 386, 207 və 180 bp-lik bəndlər alındıqda bu heteroziqot GA, 207 bp və 180 bp DNT fraqmentləri alındıqda isə bu homoziqot AA genotipi olaraq qiymətləndirilmişdir. Heteroziqot GA və mutant AA genotipləri xəstələrdə müvafiq olaraq 54% və 21%, kontrol qrupu isə 44,6% və 17,9% aşkar edilmişdir. Tədqiqat qruplarını müqayisə etdikdə həm heteroziqot və həm də homoziqot mutant genotiplərinin tezliyi xəstələrdə daha çox rast gəlinirdi. Hər iki qrupu qarşılaşdırdıqda heteroziqot GA (OR=1,81; 95%CI=0,97-3,39; P=0,062) və mutant AA (OR=1,76; 95%CI=0,8-3,88; P=0,158) genotipləri ilə xəstəlik riski arasında statistik fərq aşkar olunmamışdır. Mutant A allelinin tezliyi xəstələrdə 48%, nəzarət qrupunda isə 40,2% müşahidə edildi. Buna baxmayaraq mutant A alleli ilə süd vəzi xərçəngi riski arasında pozitiv əlaqə aşkar olunmamışdır (OR=1,37; 95%CI=0,94-2,02; P=0,106). Eyni zamanda həm dominant model (GG/GA+AA) və həm də resessiv model (GG+GA/AA) baxımından tədqiqat qrupları müqayisə edildikdə risklər müşahidə edilsə də bu fərq əhəmiyyətli olmamışdır. OR və P dəyərləri hər iki model üzrə müvafiq olaraq dominant modeldə (OR=1,8; 95%CI=0,99-3,26; P=0,051), resessiv modeldə isə (OR=1,2; 95%CI=0,61-2,42; P=0,563) şəkildə hesablanmışdır. Beləliklə, *hMLH1* geni DNT strukturunun sabitləşdirilməsində və onun funksiyasının qorunmasında mühüm yer tutur. Müxtəlif genetik dəyişikliklər o cümlədən, mutasiyalar, polimorfizmlər, promotor metilləşməsi və s. kimi dəyişikliklər genin funksiyasının pozulmasına səbəb olur.

Qüsurlu DNT reparasiyası xərçəng xəstəliklərində rastlanan ümumi xüsusiyyətlərdən biridir. DNT reparasiya sisteminin bir növü MMR sistemi genomun stabilliyinin qorunmasında mühüm rol oynayır. MMR genlərindən olan *MLH1*, *MSH2*, *MSH6* və *PMS2* daxil olmaqla yüksək dərəcədə qorunan zülal ailəsini kodlayırlar. Bu genlərdən iki əsas gen müvafiq olaraq *hMLH1* 3p21.3-23 xromosom nahiyyəsində, *hMSH2* isə 2p21-22 xromosomda xəritələnmişdir. *HMLH1* geni, 19 ekzondan ibarətdir və 756 amin turşudan ibarət zülal kodlayır. *HMLH1* genində meydana gələn -93G>A polimorfizmi (rs1800734) transkripsiya fəaliyyətini tənzimləyir və əsasən promotor bölgəsində yerləşir. Bu bölgədəki polimorfizm variantlarının *MLH1* protein ekspressiyasına təsir etdiyi təxmin edilir. Digər tərəfdən *hMSH2* genində meydana gələn Gly322Asp polimorfizmi yoğun bağırsağ və mədə xərçəngi daxil olmaqla, həmçinin limfoma, anemiya və süd vəzi xərçəngi riskini artırma bildiyi məlum olmuşdur. Cari tədqiqat işində DNT reparasiya genlərindən *hMLH1* -93G>A (rs1800734) və *hMSH2* 1032G>A (rs4987188) genlərinin tranzisiya tipli polimorfizmlərini yoğun bağırsağ xərçəngi diaqnozu qoyulan 134 xəstədə və 137 nəfərdən ibarət nəzarət qrupunda tədqiq edərək bu polimorfizmlərin kolorektal

xərçəngin inkişaf riski arasındakı əlaqəsini müqayisəli təhlil etdik. *HMLH1* geninin -93G>A polimorfizminin genotip və allel tezlikləri hər iki qrup üçün hesablanmış və statistik olaraq qiymətləndirilmişdir. Alınan nəticələrə əsasən GG genotipinin xəstə qrupunda rastgəlmə tezliyi 15,7%, heteroziqot GA 32,1%, mutant AA genotipinin rastgəlmə tezliyi isə 52,2% təşkil etmişdir. Kontrol qrupunda isə GG genotipi 16,8%, GA genotipi 45,2% və mutant AA genotipinin rastgəlmə tezliyi isə 38% olduğu qeydə alınmışdır. Hər iki tədqiqat qrupu üzrə nəticələri qarşılaşdırdıqda heteroziqot GA (OR=0,76; 95%CI=0,37-1,54; P=0,446) və homoziqot mutant AA (OR=1,47; 95%CI=0,74-2,95; P=0,270) genotipləri ilə xəstəlik riski arasında hər hansı assosiasiya aşkar edilməmişdir. Dominant model (GG/GA+AA) üzrə xəstəlik riski (OR=0,92; 95%CI=0,48-1,76; P=0,803) müəyyən edilmədiyi halda resessiv model ilə (GG+GA/AA) xəstəlik riski (OR=0,56; 95%CI=0,35-0,91; P=0,018) arasında statistik əhəmiyyətli assosiasiya aşkarlanmışdır. Bundan əlavə xəstələrdə G alleli 53,1% nəzarət qrupda isə 56,1% müşahidə olunmuşdur. Mutant A alleli isə xəstələrdə 46,9%, nəzarət qrupunda isə 43,9% rast gəlinmişdir. Aparılmış statistik hesablamalara əsasən mutant A alleli ilə xəstəlik riski arasında statistik əhəmiyyətli əlaqə müəyyən olunmamışdır (P=0,748).

Cinsiyət faktoruna görə *hMLH1* geninin genotip tezliyi hər iki tədqiqat qrupunda müqayisə olunmuşdur. Heteroziqot GA xəstə kişilərdə 32,9% olduğu halda sağlam kişilərdə yüksək tezliklə (43,9%) rast gəlinmişdir. Homoziqot mutant AA isə kişi xəstələrdə (48,7%) sağlamlarla (40,6%) müqayisədə daha çox rast gəlinmişdir. Qadın xəstələrdə heteroziqot GA (31%) genotipi də oxşar şəkildə kontrollerlə müqayisədə (46,6%) daha az rast gəlinmiş, mutant AA genotipi isə qadın xəstələrdə (56,9%) sağlamlarla müqayisədə (35,6%) üstünlük təşkil etmişdir. Lakin buna baxmayaraq cinsiyət faktoru əsas alınmaqla hər iki qrupu qarşılaşdırdıqda genotiplərlə xəstəlik riski arasında statistik əhəmiyyətli əlaqə aşkar edilməmişdir (P>0,05).

Yaşı 60-dan kiçik olan sağlam insanlarda xəstələrlə müqayisədə heteroziqot GA genotipi (38,2%) daha çox rastlanmışdır. Bundan başqa sağlam insanlarla müqayisədə mutant AA genotipi isə faiz nisbət ilə xəstələrdə (54,2%) üstünlük təşkil etmişdir. Yaşı 60-dan böyük şəxslərdə də heteroziqot GA genotipi kontrol qrupunda daha çox (47,4%), mutant AA genotipi isə xəstələrdə daha çox (51,1%) rast gəlinmişdir. Lakin burada da parametrlər arasında statistik əhəmiyyətli əlaqə qeydə alınmamışdır (P>0,05). O cümlədən, tədqiqat işimizdə *hMLH1* geni -93G>A polimorfizminin şişin mərhələ və dərəcəsində necə dəyişkənlik göstərdiyini də təhlil etdik. Heteroziqot GA əsasən G3-də (54,5%), mutant AA genotipi isə şişin G2 (20%) dərəcəsində daha çox aşkar edilmişdir. Şişin dərəcəsi ilə *hMLH1* geni -93G>A genotipləri arasında statistik fərq aşkar edilməmişdir. Xərçəngin mərhələlərində genotiplərin paylanmasına gəldikdə isə heteroziqot GA (46,8%) ən yüksək T3-də rast gəlinmiş, homoziqot AA isə şişin T1 mərhələsində (33,3%) üstünlük təşkil etmişdir. Belə ki, şişin mərhələləri və genotiplərin paylanması arasında müsbət statistik əlaqə aşkar edilmişdir (P<0,05).

HMSH2 geninin 1032G>A polimorfizmi üzrə də genotip və allel tezlikləri müqayisəli təhlil edilmiş və risk dəyərləri hesablanmışdır. Kolorektal xərçəng xəstələri arasında *hMSH2* geninin 1032G>A polimorfizminin çox az rast gəlinməsi məlum olmuşdur. Lakin buna baxmayaraq heteroziqot GA xəstələrdə 17,2%, nəzarət qrupunda isə nisbətən az 9,5% aşkar edildi. Homoziqot mutant AA cəmi bir xəstədə rast gəlini. Kontrol qrupunda isə 2 nəfərdə mutant AA genotipi aşkar olunmuşdur. Amma buna baxmayaraq genotip və allel tezlikləri ilə xərçəng riski arasında statistik fərq aşkar edilməmişdir (P>0,05). *HMSH2* geninin 1032G>A polimorfizmi üzrə də genotip və allel tezlikləri müqayisəli təhlil edilmiş və risk dəyərləri hesablanmışdır. Kolorektal xərçəng xəstələri arasında *hMSH2* geninin 1032G>A polimorfizminin çox az rast gəlinməsi məlum olmuşdur. Lakin buna baxmayaraq heteroziqot

	GA xəstələrdə 17,2%, nəzarət qrupunda isə nisbətən az 9,5% aşkar edildi. Homoziqot mutant AA cəmi bir xəstədə rast gəldi. Kontrol qrupunda isə 2 nəfərdə mutant AA genotipi aşkar olunmuşdur. Amma buna baxmayaraq genotip və allel tezlikləri ilə xərçəng riski arasında statistik fərq aşkar edilməmişdir ($P>0,05$).
2	<p>Layihənin həyata keçirilməsi üzrə planda nəzərdə tutulmuş işlərin yerinə yetirilmə dərəcəsi (cari rüb üçün, faizlə qiymətləndirməli)</p> <p>Tədqiqat işində cari rüb ərzində aşağıda sadalanan işlərin görülməsi planlanmışdı:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Nümunələrdən DNT ekstraksiya edilməsi - DNT-nin kəmiyyət və keyfiyyət göstəricilərinin təyini - PZR reaksiyalarının optimallaşdırılması - Nəzərdə tutulan onkoloji xəstəliklər üzrə gen panellərinin dizayn edilməsi, primer dizaynı - Xəstə və kontrollardan nümunələrin götürülməsi <p>Tədqiqat işi ilə əlaqədar olaraq xəstəliklər üzrə kifayət qədər nümunələr toplanılmış, protokollar nəzərdən keçirilmiş və nəticələr əldə edilmişdir. Qeyd edək ki, layihədə III rüb üzrə nəzərdə tutulmuş işin bu bölməsini 100% olaraq qiymətləndiririk.</p> <p>Xəstələrə aid klinik və demoqrafik göstəricilər dəqiqliklə toplanılmış və sistemləşdirilmişdir. Tədqiqat qruplarında həm xəstələrin həm də kontrolların sayı artırılmış və müvafiq olaraq tədqiqata daxil edilmişdir. Layihənin cari rübü üzrə <i>hMLH1</i> və <i>hMSH2</i> genləri üzrə təd nukleotid polimorfizmləri tədqiq olunmaqla mutant və riskli gen allelləri təyin edilmişdir. Eyni zamanda statistik olaraq P dəyəri və OR əmsalları hesablanaraq xəstəlik riski arasında assosiasiyalar tədqiq edilmişdir.</p>
3	<p>Hesabat dövründə alınmış elmi nəticələr, onların yenilik dərəcəsi</p> <p>Tədqiqat işində DNT reparasiya genlərindən <i>hMLH1</i> -93G>A (rs1800734) və <i>hMSH2</i> 1032G>A (rs4987188) polimorfizmləri müqayisəli təhlil edilmiş, genotip və allel tezlikləri hesablanaraq klinik və demoqrafik parametrlər üzrə risklər tədqiq edilmişdir. Nəticələrə əsasən <i>hMLH1</i> geninin resessiv modeli (GG+GA/AA) üzrə və eləcə də şişin mərhələsi ilə genotiplər arasında pozitiv assosiasiyanın aşkar edilməsi yoğun bağırsağ xərçənginin molekulyar patogenezdə <i>hMLH1</i> geninin mühüm rol malik olduğunu göstərir. Bunun əksinə <i>hMSH2</i> 1032G>A (rs4987188) polimorfizminin istər genotip istərsə də allel tezlikləri ilə xəstəlik riski arasında pozitiv assosiasiya müəyyən edilməmişdir.</p> <p>Tədqiqat işində <i>hMLH1</i> genin promotor nahiyəsindəki -93G>A tək nukleotid polimorfizmi analiz olunmuş və bu polimorfizm ilə süd xərçəngi riski arasında statistik əhəmiyyətli nəticə əldə olunmamışdır.</p>
4	<p>Layihənin yerinə yetirilməsi zamanı istifadə olunan üsul və yanaşmalar</p> <p>Aqaroz gel elektrofozeri üçün işçi məhlullar hazırlanmışdır:</p> <p>10xTBE məhlulunun hazırlanması: 108 q Tris, 55 q bor turşusu və 7,5 q EDTA ölçülərək ölçü qabına əlavə edilir, üzərinə distillə suyu əlavə edilərək həcmi 1 litrə çatdırılır. Məhlul şəffaflaşana qədər qarışdırılır. 1xTBE-nin (89mM tris, 89mM bor turşusu, 2mM EDTA) hazırlanması: 100 ml 10X TBE götürülür, üzərinə 900 ml distillə suyu əlavə edilərək yaxşıca qarışdırılır və məhlul hazır vəziyyətə gətirilir.</p> <p>Qandan DNT ekstraksiyası üçün aşağıdakı protokol tətbiq edilmişdir:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Eppendorf tüpünə 200 ul qan, 30 ul Proteinaz K və 250 lizis buferi əlavə edildi 2. Qarışım vorteks olunaraq qarışdırıldı 3. 56°C-də 2 dəq inkubasiya edildi 4. İnkubasiyadan sonra lizat spin kolona keçirildi 5. 8000 RPM-də 3 dəq. sentrifüqa edildi

	<p>6. Daha sonra pellet atıldı</p> <p>7. Sonra Spin kolona 750 ul yuyucu məhlul əlavə olundu</p> <p>8. 8000 RPM-də 3 dəq. sentrifuqa edildi, DNT hüceyrəvi qalıqlardan təmizləndi</p> <p>9. Hər bir spin kolona 150 ul <i>elution bufer</i> əlavə edilərək DNT çökdürüldü</p> <p>10. Sonuncu etapda əldə edilən DNT nümunələri -20C – də saxlanıldı</p> <p>DNT-nin kəmiyyət və keyfiyyəti spektrofotometrik üsulla Nanodrop 2000/2000c (Thermo Scientific) cihazı vasitəsilə təyin edilmişdir. DNT-nin miqdarı 1 µl məhlulda nanoqramlarla ölçülmüş və durulaşdırma əmsalına vurularaq total DNT miqdarı müəyyən edilmişdir. PZR reaksiyalarının aparılması üçün 25 µl/ng minimal rəqəm kimi qəbul edilmişdir. DNT-nin zülallar və kimyəvi birləşmələrlə çirklənmə dərəcəsi isə müvafiq olaraq 260/280 və 260/230 dalğa uzunluqlarının nisbəti əsasında hesablanmışdır. Belə ki, 260/280 nisbətinin 1,8 və 260/230 nisbətinin isə 2 olması, zülallar və kimyəvi maddələrlə çirklənməsi olmayan saf DNT etalonu kimi qəbul edilmişdir.</p>
5	<p>Layihə üzrə elmi nəşrlər (məqalələr, monoqrafiyalar, icmallar, konfrans materialları, tezislər) (dərç olunmuş, çapa qəbul olunmuş və çapa göndərilmişləri ayrılıqda qeyd etməklə) (<i>surətlərini əlavə etməli!</i>) Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyinin Genetik Ehtiyatlar İnstitutunda Birləşmiş Millətlər Təşkilatının İqlim dəyişmələri haqqında Çərçivə Konvensiyasının Tərəflər Konfransının 29-cu sessiyası (COP29) çərçivəsində “Qlobal iqlim dəyişkənliyinə davamlılığa nail olunmasında genetik ehtiyatların rolu” mövzusunda 2024-cü il 29-30 oktyabr tarixində Respublika elmi konfransı</p> <p>Tezis: Bayramov B, Mehdiyeva N, Vəliyeva H, Əhmədova G, Səfərzadə Z, Nəsibova J, Şəmşədzadə A, Məmmədova Z. Süd Vəzi Xərçəngi Diaqnozu Qoyulan Xəstələrdə <i>hMLH1</i> Geninin -93G>A Tək Nukleotid Polimorfizminin Müqayisəli Tədqiqi. Genetik ehtiyatların mühafizəsi və səmərəli istifadəsi. Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, 31 oktyabr-1 noyabr. Bakı/Azərbaycan - çapa göndərilmişdir.</p>
6	<p>İxtira və patentlər, səmərələşdirici təkliflər</p> <p>Tədqiqat işində bu rüb üzrə ixtira və patent alınmamışdır</p>
7	<p>Layihə üzrə ezamiyyətlər</p> <p>Bu rüb üzrə elmi ezamiyyət nəzərdə tutulmamışdır.</p>
8	<p>Layihə üzrə elmi ekspedisiyalarda iştirak</p> <p>Layihə üzrə elmi ekspedisiya nəzərdə tutulmamışdır</p>
9	<p>Layihə üzrə digər tədbirlərdə iştirak</p> <p>Bu rüb üzrə tədbirlərdə iştirak edilməmişdir.</p>
10	<p>Layihə mövzusu üzrə elmi məruzələr (seminarlar, konfranslar, dəyirmi masalar və s. çıxışlar)</p> <p>31 oktyabr-1 noyabr Genetik Ehtiyatlar İnstitutunda təşkil olunan - Genetik ehtiyatların mühafizəsi və səmərəli istifadəsi elmi konfransında məruzə: Süd Vəzi Xərçəngi Diaqnozu Qoyulan Xəstələrdə <i>hMLH1</i> Geninin -93G>A Tək Nukleotid Polimorfizminin Müqayisəli Tədqiqi.</p>
11	<p>Layihə üzrə əldə olunmuş cihaz, avadanlıq və qurğular, mal və materiallar</p> <p>Bu rüb ərzində layihə üzrə heç bir cihaz, avadanlıq və materiallar əldə olunmamışdır. Belə ki, tədqiqatda istifadə edilən cihaz, avadanlıq və qurğular Azərbaycan Tibb Universiteti və Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun maddi-texniki bazasında mövcud avadanlıqlar hesabına həyata keçirilmişdir.</p>
12	<p>Yerli həmkarlarla əlaqələr</p> <p>Tədqiqatın cari rübündə bu nəzərə alınmamışdır.</p>
13	<p>Xarici həmkarlarla əlaqələr</p> <p>Layihə çərçivəsində aparılan tədqiqat işləri yerli həmkarlar vasitəsilə həyata keçirilməsi nəzərdə tutulmuşdur.</p>
14	<p>Layihə mövzusu üzrə kadr hazırlığı</p>

	Nəzərdə tutulmamışdır.
15	Sərgilərdə iştirak Nəzərdə tutulmamışdır.
16	Təcrübəartırmada iştirak və təcrübə mübadiləsi Nəzərdə tutulmamışdır.
17	Layihə mövzusu ilə bağlı elmi-kütləvi nəşrlər, kütləvi informasiya vasitələrində çıxışlar, yeni yaradılmış internet səhifələri və s. Nəzərdə tutulmamışdır.

Layihə rəhbərinin imzası _____ Vəliyeva Həqiqət Qənimət qızı

Tarix _____

QEYD: bütün hallarda uyğun olan bəndlər doldurulmalıdır.

