

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ ҒЫЛЫМ ЖӘНЕ ЖОҒАРЫ БІЛІМ МИНИСТРЛІГІ

«Л.Н. ГУМИЛЕВ АТЫНДАҒЫ ЕУРАЗИЯ ҰЛТТЫҚ УНИВЕРСИТЕТІ» КЕАҚ

**Студенттер мен жас ғалымдардың
«GYLYM JÁNE BILIM - 2023»
XVIII Халықаралық ғылыми конференциясының
БАЯНДАМАЛАР ЖИНАҒЫ**

**СБОРНИК МАТЕРИАЛОВ
XVIII Международной научной конференции
студентов и молодых ученых
«GYLYM JÁNE BILIM - 2023»**

**PROCEEDINGS
of the XVIII International Scientific Conference
for students and young scholars
«GYLYM JÁNE BILIM - 2023»**

**2023
Астана**

УДК 001+37
ББК 72+74
G99

«GYLYM JÁNE BILIM – 2023» студенттер мен жас ғалымдардың XVIII Халықаралық ғылыми конференциясы = XVIII Международная научная конференция студентов и молодых ученых «GYLYM JÁNE BILIM – 2023» = The XVIII International Scientific Conference for students and young scholars «GYLYM JÁNE BILIM – 2023». – Астана: – 6865 б. - қазақша, орысша, ағылшынша.

ISBN 978-601-337-871-8

Жинаққа студенттердің, магистранттардың, докторанттардың және жас ғалымдардың жаратылыстану-техникалық және гуманитарлық ғылымдардың өзекті мәселелері бойынша баяндамалары енгізілген.

The proceedings are the papers of students, undergraduates, doctoral students and young researchers on topical issues of natural and technical sciences and humanities.

В сборник вошли доклады студентов, магистрантов, докторантов и молодых ученых по актуальным вопросам естественно-технических и гуманитарных наук.

УДК 001+37
ББК 72+74

ISBN 978-601-337-871-8

**©Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия
ұлттық университеті, 2023**

2020 году. А в 2021 и 2022 годах наглядна видна динамика снижения абсолютного числа. А что касается статистики за 2021 и 2022 год, то распространенность этих заболеваний среди детей была примерно одинаковой. Среди подростков заболеваемость этим типом заболевания была относительно низкой.

По данным коронавирусной инфекции наиболее высший показатель в группе взрослых. Это связано с процентным соотношением возрастных групп населения. У большинства пациентов симптомы появляются через 2–14 дней после воздействия вируса [2,3]. 2021 году выявилась резко растущая динамика распространения инфекции по сравнению с 2020 годом. Показатели снизились во всех возрастных группах с 2021 по 2022 год отчетного периода. Даже в возрастной группе подростков наблюдался небольшой всплеск показателей тестирования в течение этого отчетного периода, несмотря на то, что показатели в целом оставались низкими среди этой возрастной группы в течение 2021 года.

Статистические и сравнительные исследования влияние инфекции Covid-19 на заболеваемость населения Павлодарской области показало, что в периоде с 2020 по 2022 год произошла динамика. Наше исследование описывает волну COVID-19 в Павлодарской области. Несмотря на ранние стратегии, Казахстан не смог избежать заноса и распространения вируса. Высший показатель заболеваемости вирусом пришелся на 2021 год. Это связано с тем, что медицинских учреждениях точно выявляли вирус и устанавливали диагноз. В 2022 году пошел спад коронавирусной инфекции, причиной этому стала своевременная и обязательная вакцинация, и правильный протокол лечения болезни. Следовательно, в 2022 году мы видим тенденцию спада заболеваемости органов дыхания, системы кровообращения и органов пищеварения. Необходимы дополнительные исследования, чтобы оценить истинное бремя болезни и дать рекомендации в области общественного здравоохранения для лучшей подготовки к новой волне.

Список использованных источников

1. Сердечно-сосудистые заболевания. [Электронный ресурс]: [https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/cardiovascular-diseases-\(cvds\)](https://www.who.int/ru/news-room/fact-sheets/detail/cardiovascular-diseases-(cvds)), 2017.
2. Huang C., Wang Y., Li X., Ren L., Zhao J., Hu Y., Zhang L., Fan G., Xu J., Gu X., et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet*. 2020;395:497–506. doi: 10.1016/S0140-6736(20)30183-5.
3. Павлодарская область [Электронный ресурс]: <https://ru.wikipedia.org/>, 2020.

ӘОК 57.041

ЦИТОКИН ГЕНДЕР ПОЛИМОРФИЗМІ МЕН ҚАТЕРЛІ ІСІК ҚАУІП АРАСЫНДАҒЫ СТАТИСТИКАЛЫҚ МЕТА АНАЛИЗ АРҚЫЛЫ ЗЕРТТЕУ

Жұмағали Назира Жандосқызы
sandsstorm@gmail.com

Л.Н.Гумилев атындағы ЕҰУ «6В05107 – Биология» мамандығының 4 курс студенті, Астана,
Қазақстан

Ғылыми жетекшісі – Арипова Акмарал Алтынбаевна, PhD

Қазіргі кезде барлық ауру түрлері арасында қатерлі ісікке деген аса маңызды назар аударылудың, ауруға шалдыққан адам санын азайтуға және емдеп, алдын-алуға жұмсалатын қоғамдық күш-жігердің болуы орынды. Өйткені, қатерлі ісік дүниежүзілік статистика бойынша өлімнің басты себептерінің бірі және әлемнің әр елінде өмір сүру ұзақтығын арттыруға маңызды кедергі болып табылады. Ісік аурулары мен өлім-жітімінің ауыртпалығы бүкіл әлемде жылдам өсуде, бұл халықтың қартаюын, онкологиялық аурулардың негізгі қауіп

факторларының таралуы мен өзгеруін көрсетеді, олардың кейбіреулері әлеуметтік-экономикалық дамумен байланысты [1,2].

Соңғы жылдары асқазан қатерлі ісігі бүкіл әлемде маңызды қатерлі ісік түрі болып қала береді. 2020 жылы бір миллионнан астам жаңа жағдайға және шамамен 769 000 өлімге, яғни әлемде әрбір 13 өлімнің біріне тең деген есепке негізделеді, бұл әлемде аурушандық бойынша бесінші және өлім-жітім бойынша төртінші орынды иеленген [3]. Сонымен қатар, қатерлі ісік түрлерінің ішіндегі тағы бір аса қауіпті түрі – бауыр қатерлі ісігі бойынша түрлі ақпарат көздерінде 2025 жылға қарай ауруға шалдыққан адам саны артады деген болжау жасалды. Негізгі осы қатерлі ісік түрінің бірі гепатоцеллюлярлық карцинома (Hepatocellular carcinoma – HCC) барлық жағдайлардың ~90% құрайды [4]. Ісік ауруы лимфа жүйесінде де кездеседі, соның бірі Ходжкиндік емес лимфоманың классификациясында 50-ден астам әртүрлі кіші түрлері бар екендігі анықталды. Осы жіктелулерінің барлығы да адам денсаулығына деген аса қауіпті түрлері болып саналады. Сондай-ақ зерттеу жұмысында қарастырылған жатыр мойны обыры дүние жүзінде әйелдер арасында жиі кездесетін төртінші қатерлі ісік болып табылады, 2020 жылы шамамен 604 000 жаңа жағдай және 342 000 адам қайтыс болған [3].

Қатерлі ісікке ықпал ететін процестердің көпшілігі цитокиндермен, қалыпты және ісік клеткалары шығаратын шағын ақуыз молекулаларымен реттеледі. Цитокиндер мен қатерлі ісік арасындағы байланыс көп және екі жақты болып келеді. Бір жағынан, цитокиндер ісік фенотипін өзгерту арқылы канцерогенезге және метастазға тікелей әсер етуі мүмкін. Цитокиндер сонымен қатар ісікке қарсы спецификалық жауаптарды тудыру үшін хосттың иммундық жүйесін ынталандыру арқылы рөл атқарады [5]. Кез келген физиологиялық процестердің реттелуінің бұзылуы ауытқуларға, патогенезге әкелуі мүмкін - бұл ісік прогрессиясына да себепші болады. Осындай тұжырымдамалар негізінде ісік ауруларын алдын алу мақсатында түрлі иммунологиялық реттеу процестеріне қатысатын цитокиндер тобына да деген назар аударылып, түрлі зерттеу жұмыстары жүргізіледі.

Қатерлі ісіктің туындауына себеп болатын кейбір факторлар генетикалық деңгейде әсер етуі мүмкін. Ал ол өз кезегінде, гендердің бір нуклеотидінің ауысуына алып келуі мүмкін. Бір нуклеотидті полиморфизм (single nucleotide polymorphism – SNP) бір популяциядағы даралардың бір гендегі нуклеотид бойынша айырмашылығын айтады [6]. Қазіргі таңда, 300 цитокин табылған және олар қатерлі ісік ауруларында цитокин профильдерімен жүйелі немесе меншікті түрде байланысқан. Генетикалық вариациялар, оның ішінде SNP цитокиндердің функционалдық белсенділігіне, транскрипцияның өзгерісіне алып келеді, ал кейінгі кезекте адамдағы түрлі ауру тудыруының себебіне айналады [7].

Цитокин гендеріндегі бір нуклеотидті полиморфизм мен қатерлі ісік ауруларына, оның ішінде асқазан қатерлі ісігі, жатыр мойнының қатерлі ісігі, гепатоцеллюлярлық карцинома және Ходжкиндік емес лимфома сезімталдығы арасындағы қатынасты статистикалық мета-анализ арқылы зерттеу жұмысы жүргізілді [8]. Қазіргі таңда зерттеу жұмыстар санының экспоненциалды ұлғаюы аурулар туралы бар ақпаратты біріктіруді және кейіннен ұтымды шешім қабылдауда қиындық тудырады. Сол себептен, мета-анализдің негізгі мақсаты - көбірек деректерді біріктіру арқылы бағалаудың дәлдігін арттыру. Мета-анализ бірнеше цитокин полиморфизмдерінің маңыздылығын есептеу үшін тіркелген немесе рандомизацияланған үлгілерді пайдалана отырып жүргізілді. Pubmed, Google Scholar, Wiley Online Library, GWAS Catalog, Science Direct секілді негізгі деректер базасындағы белгілі бір қатерлі ісік аурулары бойынша жағдай-бақылау (case-control) зерттеулері туралы 450-ге жуық мақалалар қарастырылды. Оның ішінде мета-анализ үшін ісік аурулары бойынша ортақ белгілі бір ақпарат болуына байланысты – *TNF-a* (*rs1800629*), *TNF-b* (*rs909253*), *INF гамма*(*rs2430561*), *IL-2*(*rs2069762*), *IL-6*(*rs1800795*), *IL-10*(*rs1800896*), *IL-17* (*rs2275913*), *IL-18*(*rs1946518*), *IL-12B*(*rs3212227*) цитокиндердің полиморфизмі бойынша талдау жасалынды.

IL-6(*rs1800795*) және *IL-12B*(*rs3212227*) полиморфизмдері туралы деректер бойынша гинекологиялық қатерлі ісіктердің, соның ішінде жатыр мойын карциномасының қаупін арттыруы мүмкін деп болжалды [9-12]. Сондай-ақ *IL-6* (*rs1800795*), *IL-17* (*rs2275913*), *TNF-альфа* (*rs1800629*), *TNF-бета* (*rs909253*) бір нуклеотидті полиморфизмдері мен асқазан ісігі

сезімталдығы арасындағы қатынасы бар екені туралы 55 мақалада мәліметтер жазылған, кейінгі кезекте осы ақпаратты мета-анализ үшін қолданылды[13-17]. *IL-12B (rs3212227)*, *IL-18 (rs1946518)* және *INF гамма (rs2430561)* полиморфизмдері гепатоцеллюлярлық карцинома даму қаупі үшін SNP маркерлері болуы мүмкін екенін көрсетті[18-22]. *TNF-бетта (rs909253)* және *IL-10(rs1800896)* генетикалық нұсқалары лимфоманың даму қаупімен байланысты болуы мүмкін деген нұсқаулықпен бірнеше зерттеу жұмыстары жазылған[23-24].

Цитокин гендерінің бір нуклеотидті полиморфизмі мен қатерлі ісік аурулары арасындағы ассоциациясы Comprehensive Meta-Analysis software V4 (CMA 4.0 нұсқасы) статистикалық бағдарламасы арқылы өңделді, ол үшін жағдай-бақылау зерттеулері бойынша цитокин гендерінің SNP доминантты, рецессивті және аддиктивті модельдерінің шамалары қарастырылды. Зерттеулер арасында және ішінде гетерогенділіктің болуы Кокранның Q сынағы арқылы бағаланды, мұнда P-мәні <0,01 маңызды болып саналады[25]. Гетерогенділікке арналған Q сынағы, яғни Q-статистикасы әсер етудің топтарға бірдей әсер ететінін тексеру үшін қолданылады және талдаудағы барлық зерттеулер жалпы әсер өлшемін бөлісетін нөлдік гипотезаны тексеруді қамтамасыз етеді. Гетерогенділік көрсеткіштері төмен және жоғары дәреже бойынша бірнеше цитокин гендерінің бір нуклеотидті полиморфизмдеріне есептеулер жүргізілді. Қарастырылған мақалалар мен сонда сипатталған полиморфизмдердің жабайы және мутантты тип аллельдерінің күйлері мен кездесу жиілігі бойынша сандық көрсеткіштерді талдай отырып, мета-анализдің қорытындысы алынды.

Жоғарыда сипатталған бір нуклеотидті полиморфизмдер мен белгілі бір ісік түрлері арасындағы ассоциациялары мета-анализ қорытындысы бойынша реттеліп, талданды. Аталған цитокин гендеріндегі SNP-тердің ауруға қатысы бар екенін мета-анализ нәтижесі арқылы қорытындылауға болады. Төменгі кестелерде жасалынған мета-анализдің қорытындылары көрсетілген (1-4-кесте).

Кесте 1 Жатыр мойны қатерлі ісігі бойынша бір нуклеотидті полиморфизмді мета-талдау

SNP (rs)	Модель	P-value	OR 95% CI	Q	P-value	I ²
IL-6 – rs1800795	Доминантты	0,181	0,731 (0,462-1,157)	15,891	0,014	62,244
	Рецессивті	0,0001	1,650 (1,434-0,967)	100	0,0001	94,027
	Аддиктивті	0,027	1,633 (1,059-2,520)	13,064	0,042	54,072
IL12B – rs3212227	Доминантты	0,333	0,878 (0,674 – 1,143)	3,992	0,407	0,0001
	Рецессивті	0,008	1,269 (1,065 – 1,512)	23,421	0,0001	82,921
	Аддиктивті	0,073	1,130 (0,975 – 1,759)	7,211	0,125	44,532

Кесте 2 Асқазан ісігі бойынша бір нуклеотидті полиморфизмді мета-талдау

SNP (rs)	Модель	P-value	OR 95% CI	Q	P-value	I ²
IL-6 – rs1800795	Доминантты	0.085	0.844 (0,697 – 1,024)	38.238	0.0001	73.848
	Рецессивті	0,002	1,257 (1,089 – 1,450)	73,166	0,0001	84,966
	Аддиктивті	0,014	1,308 (1,055 – 1,621)	39,956	0,0001	74,972
IL-17 – rs2275913	Доминантты	0.0001	0.779 (0.719-0.845)	90.971	0.0001	78.015
	Рецессивті	0.0001	1.187 (1,112 – 1,267)	40,149	0,005	50,186
	Аддиктивті	0,0001	1,378(1,257 – 1,509)	67,598	0,0001	70,413
TNF-a – rs1800629	Доминантты	0,322	0,886(0,689 – 1,125)	20,059	0,029	50,147
	Рецессивті	0,514	1,036(0,932 – 1,151)	49,331	0,0001	71,620
	Аддиктивті	0,873	1,021(0,794 – 1,313)	22,365	0,013	55,288
TNF-b – rs909253	Доминантты	0.438	1.087(0,880 – 1,343)	15,057	0,005	73,434
	Рецессивті	0,651	1,031(0,903 – 1,178)	14,098	0,007	71,627
	Аддиктивті	0,545	0,933(0,745 – 1,168)	13,491	0,009	70,351

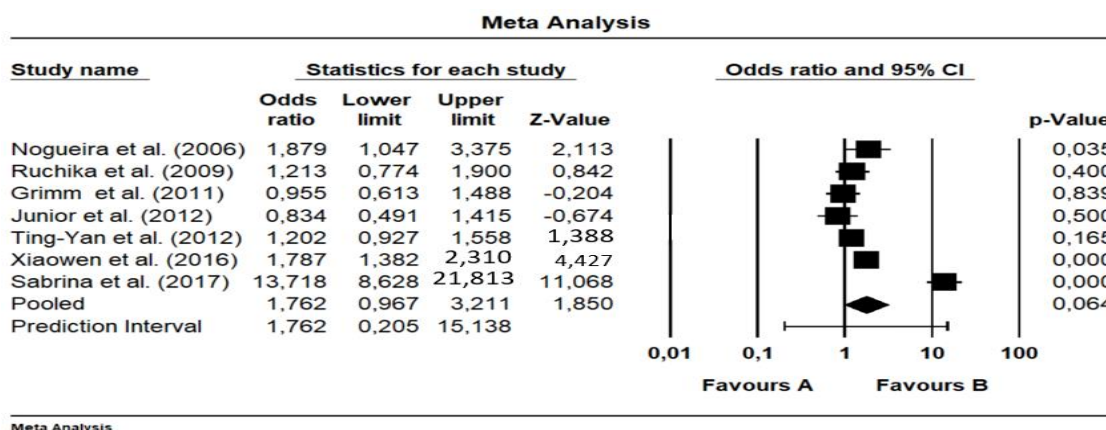
Кесте 3 Гепатоцеллюлярлық карцинома бір нуклеотидті полиморфизмді мета-талдау

SNP (rs)	Модель	P-value	OR 95% CI	Q	P-value	I ²
IL12B – rs3212227	Доминантты	0,036	0,851(0,731 – 0,989)	2,588	0,629	0,0001
	Рецессивті	0,002	1,205(1,068 – 1,360)	7,441	0,282	19,364
	Аддиктивті	0,009	1,263(1,060 – 1,504)	5,050	0,282	20,790
IL18 – rs1946518	Доминантты	0,001	1,233(1,087 – 1,399)	38,359	0,0001	68,717
	Рецессивті	0,341	0,930(0,802 – 1,080)	61,951	0,0001	80,630
	Аддиктивті	0,472	0,931(0,767 – 1,131)	53,537	0,0001	77,586
INF – rs2430561	Доминантты	0,011	0,623(0,438 – 0,899)	8,036	0,154	37,778
	Рецессивті	0,253	1,131(0,916 – 1,397)	2,270	0,943	0,0001
	Аддиктивті	0,017	1,642(1,092 – 2,471)	5,955	0,311	16,043

Кесте 4 Ходжкиндік емес лимфома бір нуклеотидті полиморфизмді мета-талдау

SNP (rs)	Модель	P-value	OR 95% CI	Q	P-value	I ²
TNF-b – rs909253	Доминантты	0,897	0,992(0,879 – 1,120)	22,306	0,004	64,135
	Рецессивті	0,056	1,080(0,995 – 1,173)	15,178	0,056	47,291
	Аддиктивті	0,395	1,058(0,929 – 1,205)	26,810	0,001	70,160
IL10 – rs1800896	Доминантты	0,076	0,868(0,742 – 1,015)	5,177	0,395	3,418
	Рецессивті	0,523	0,955(0,831 – 1,099)	17,169	0,004	70,878
	Аддиктивті	0,494	1,069(0,883 – 1,293)	13,425	0,020	62,757

1-кестеде баяндалған мета-анализдік нәтиже бойынша IL-6 (rs1800795) полиморфизмінде рецессивті (OR 1,650, 95% CI 1,434-0,967) және аддиктивті (OR 1,633, 95% CI 1,059-2,520) модельдерде P-мәні 0,05 кем болып, статистикалық түрде маңызды деп есептелді. Дегенмен, доминантты модельдегі шамалардың көрсеткіші P-мәні 0,181-ге (OR 0,731, 95% CI 0,462-1,157) тең болды, сол себептен статистикалық тұрғыдан маңызды емес деген тұжырымды алуға болады. Зерттелген мақалалардың қорытындылар мен мета-анализдің нәтижелерін түйіндей келе, IL-6 (rs1800795) полиморфизмі жатыр мойны қатерлі ісігімен ассоциациясы бар болды. IL-6-нің осы SNP рецессивті моделінің мета-талдауын төмендегі Сурет 1тен көруге болады.



Сурет 1 Жатыр мойны қатерлі ісігі бойынша бір нуклеотидті полиморфизмді мета-анализ. Рецессивті модель.

Асқазан ісігі бойынша бір нуклеотидті полиморфизмді мета-талдаудың 2-кестесі бойынша IL-6 (rs1800795) барлық рецессивті және аддиктивті моделдерінде P-мәні 0,05-нен кем және I²≥50% болып, айтарлықтай гетерогенділіктің бар екенін көрсетті. Цитокиннің IL-6 генінің rs1800795 полиморфизмі бойынша жинақталған мақалалардың нәтижелерін қорытындылай келе, геннің осы мутация түрі қатерлі ісіктің асқазан және жатыр мойны ісік

түрлеріне деген сезімталдығы арасындағы қатынасы бар екендігі туралы ақпаратты мета-анализ арқылы білуге мүмкіндік берді.

Жатыр мойны қатерлі ісігі бойынша IL-12B – rs3212227 полиморфизмінің мета-анализ нәтижелері бойынша рецессивті модельде P-мәні 0,008-ге және орташа әсер мөлшері (OR) 1,065 -ден 1,512-ге дейінгі 95% сенімділік интервалымен (CI) 1,269-ге тең болды. Мета-анализ қорытындысы негізінде IL-12B (rs3212227) полиморфизмі туралы жазылған зерттеулер бойынша гинекологиялық қатерлі ісігі жатыр мойны карциномасының қаупін арттырады деген қорытындыға келеміз. Алайда, бұл цитокин полиморфизмінің гепатоцеллюлярлық карцинома (HCC) ауруымен ассоциациясы жоқ болды. Ал IL18 (rs1946518) және INF(rs2430561) полиморфизмдері осы аурумен, яғни HCC үшін қауіп факторы ретінде ассоциациясы бар деген нәтиже алады.

Цитокин геніндегі SNP келесі түрі IL-17 (rs2275913) бойынша жүргізілген мета-анализ бойынша барлық модель түрлері бойынша салыстырулардың шамалары P-мәні 0,0001-ге тең, ал I2 көрсеткіші 50 % жоғары болды. Осы полиморфизмі туралы жазылған мақалалар бойынша және мета-анализ нәтижесі арқылы түрлі популяцияларда асқазан қатерлі ісігінің даму қаупінде маңызды рөл атқарады деген қорытындыға келеміз.

TNF-a(rs1800629), TNF-b(rs909253) және IL10(rs1800896) полиморфизмдері бойынша жүргізілген мета-анализ нәтижелерінде P мәні >0,1 болғандықтан, статистикалық тұрғыда маңызды деп айта алмаймыз.

Қазіргі кезде ісік ауруына шалдыққан адамдардың саны, сонымен қатар осы әлемдік проблемамен күресу мақсатында жүргізілетін зерттеу жұмыстары күн сайын артып барады. Сондықтан да, осы статистикалық мета-анализ арқылы зерттеу жұмысында белгілі бір цитокин гендерінің бірнеше бір нуклеотидті полиморфизмдері туралы мақалаларды жинастырып, нәтижелері бойынша салыстырмалы түрде нақты қандай бір нуклеотидті полиморфизм белгілі бір ісік түріне байланысын қарастырады.

Пайдаланылған әдебиеттер тізімі

1. Omran AR. The epidemiologic transition. A theory of the epidemiology of population change // *Milbank Mem Fund Q.* – 1971 – P. 509-538. Gersten O, Wilmoth JR. The cancer transition in Japan since 1951 // *Demogr Res.* – 2002 – pages 271-306.
2. Sung H, Ferlay J, Siegel RL, Laversanne M, Soerjomataram I, Jemal A, Bray F. Global Cancer Statistics 2020: GLOBOCAN Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries // *CA Cancer J Clin.* – 2021 – pages 228-229,231-234.
3. Llovet, J.M., Kelley, R.K., Villanueva, A. et al. Hepatocellular carcinoma // *Nat Rev Dis Primers* – 2021 – pages 1-2.
4. Tartour E, Fridman WH. Cytokines and cancer // *Int Rev Immunol.* – 1998 – pages 1-2.
5. Shastry BS. SNPs: impact on gene function and phenotype // *Methods Mol Biol.* – 2009 – pages 4-5.
6. Keshavarz M, Mirzaei H, Salemi M, Momeni F, Mousavi MJ, Sadeghalvad M, et al. (2019) Influenza vaccine: Where are we and where do we go? // *Rev Med Virol* 29 – 2014 – 2-3.
7. Mak A, Cheung MW, Fu EH, Ho RC. Meta-analysis in medicine: an introduction // *Int J Rheum Dis* – 2010 – page 1-5.
8. Nogueira de Souza NC, Brenna SM, Campos F, Syrjänen KJ, Baracat EC, Silva ID. Interleukin-6 polymorphisms and the risk of cervical cancer // *Int J Gynecol Cancer* – 2006 – pages 1-5.
9. Grimm C, Watrowski R, Baumühlner K, Natter C, Tong D, Wolf A, Zeillinger R, Leodolter S, Reinthaller A, Hefler L. Genetic variations of interleukin-1 and -6 genes and risk of cervical intraepithelial neoplasia // *Gynecol Oncol.* – 2011 – pages 1-5.

10. Shi X, Jia Y, Xie X, Li S. Single-nucleotide polymorphisms of the IL-12 gene lead to a higher cancer risk: a meta-analysis based on 22,670 subjects // *Genes Genet Syst.* – 2018 – pages 176-177.
11. Han SS, Cho EY, Lee TS, Kim JW, Park NH, Song YS, Kim JG, Lee HP, Kang SB. Interleukin-12 p40 gene (IL12B) polymorphisms and the risk of cervical cancer in Korean women // *Eur J Obstet Gynecol Reprod Biol* – 2008 – pages 1-5.
12. Crusius JB, Canzian F, Capellá G et al. Cytokine gene polymorphisms and the risk of adenocarcinoma of the stomach in the European prospective investigation into cancer and nutrition (EPIC-EURGAST) // *Ann Oncol.* – 2008 – pages 1-9.
13. Machado JC, Figueiredo C, Canedo et al. A proinflammatory genetic profile increases the risk for chronic atrophic gastritis and gastric carcinoma // *Gastroenterology* – 2003 – pages 1-8.
14. Elshazli RM, Salman DO, Kamel MM, Toraih EA, Fawzy MS. Genetic polymorphisms of IL-17A rs2275913, rs3748067 and IL-17F rs763780 in gastric cancer risk: evidence from 8124 cases and 9873 controls // *Mol Biol Rep* – 2018 – pages 1-20.
15. Wang X, Yang F, Xu G, Zhong S. The roles of IL-6, IL-8 and IL-10 gene polymorphisms in gastric cancer: A meta-analysis // *Cytokine* – 2018 – pages 1-7.
16. Yang LJ, Gao W, Bai JY, Zhang XK, Han X, Sun YH, Zhang LL, Zhang MM. Correlation between Interleukin-17 gene polymorphism and gastric cancer susceptibility in Han Chinese population // *Eur Rev Med Pharmacol Sci.* – 2016 – pages 1-12.
17. Tan, A., Gao, Y., Yao, Z. et al. Genetic variants in IL12 influence both hepatitis B virus clearance and HBV-related hepatocellular carcinoma development in a Chinese male population // *Tumor Biol.* – 2015 – pages 1-6.
18. Teixeira AC, Mendes CT Jr, et al. Alleles and genotypes of polymorphisms of IL-18, TNF- α and IFN- γ are associated with a higher risk and severity of hepatocellular carcinoma (HCC) in Brazil // *Hum Immunol* – 2013 – pages 1-11.
19. Bao J, Lu Y, Deng Y, Rong C, Liu Y, Huang X, Song L, Li S, Qin X. Association between IL-18 polymorphisms, serum levels, and HBV-related hepatocellular carcinoma in a Chinese population: a retrospective case-control study // *Cancer Cell Int* – 2015 – pages 1-8.
20. Zhang QX, Yao YQ, Li SL, Long Q. Association between interleukin-18 gene polymorphisms and hepatocellular carcinoma caused by hepatitis B virus // *Zhonghua Gan Zang Bing Za Zhi* – 2016 – pages 1-5.
21. Do Carmo Vasconcelos de Carvalho, V., de Macêdo, J.L., de Lima, C.A.D. et al. IFN-gamma and IL-12B polymorphisms in women with cervical intraepithelial neoplasia caused by human papillomavirus // *Mol Biol Rep* – 2011 – pages 1-8.
22. Cheng S, Li J, Liu W, Liu C, Su L, Liu X, Guo L, Ma Y, Song B, Liu J. LTA + 252A > G polymorphism is associated with risk of nasal NK/T-cell lymphoma in a Chinese population: a case-control study // *BMC Cancer* – 2015 – pages 1-7.
23. Gu X, Shen Y, Fu L, Zuo HY, Yasen H, He P, Guo XH, Shi YW, Yusufu M. Polymorphic variation of inflammation-related genes and risk of non-Hodgkin lymphoma for Uygur and Han Chinese in Xinjiang // *Asian Pac J Cancer Prev* – 2014 – pages 1-7.

ӘОК 613.292:547.963.32

**ӨСІМДІК ТЕКТІ ТАҒАМДЫҚ ҚОСПАЛАРДЫ ПАЙДАЛАНАТЫН
МЕДИЦИНАЛЫҚ ПРЕПАРАТТАР МЕН ББҚ ӨНДІРУШІЛЕРДІҢ ХАЛАЛ
СТАНДАРТЫНА СӘЙКЕСТІГІН АНЫҚТАУ ЖӘНЕ ОНЫҢ МАҢЫЗЫ**

Жұмасейт Меруерт Саттарқызы
meryshery00@mail.ru