

A Review of Optimization Strategies and the Advantages and Disadvantages of using Polymerase Chain Reaction with Confronting Two-Pair primers (PCR-CTPP) in Genomics Studies

Zeinab Jamshidi¹, Kheirollah Yari²

1.BSc Student, Biotechnology Department, Faculty of Sciences, Malayer University, Malayer, Iran, ORCID ID: 0000-0002-6573-326x

2. Assistant Professor, Medical Biology Research Center, Health Technology Institute, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran, (Corresponding Author), Tel:083-34276473, Email:kyari@kums.ac.ir. ORCID ID: 0000-0002-8592-7651

ABSTRACT

Background and Aim: There are several methods for genotyping single nucleotide polymorphisms (SNPs). Polymerase chain reaction with confronting two-pair primers (PCR-CTPP) is an inexpensive, quick, reliable, time saving and cost effective method that is applicable for SNPs genotyping compared to other related methods. In the PCR-CTPP technique, allele-specific products of the genes are selectively amplified by adding two pairs of four primers and ordinarily prepared PCR mixture in a single PCR tube. Four allele-specific primers are F1 (sense) and R1 (antisense) primers for one allele that R1 has an anti-sense nucleotide at the 3' end and F2 (sense) and R2 (antisense) for the other allele that F2 has a sense nucleotide at the 3' end. PCR-CTPP produces three products with different sizes which can make possible genotyping of SNP by gel electrophoresis. To increase the reproducibility and accuracy of the PCR-CTPP results, it is better to optimize protocol before sample genotyping. The aim of this study was to review the currently used strategies for optimum application and determination of advantages and disadvantages of the PCR-CTPP method in SNPs genotyping.

Materials and Methods: The articles related to the PCR-CTPP method were searched from databases such as ISI Web of science, Science direct, Pubmed, Google Scholar, SID, and Scopus.

Results: For more efficiency and reproducibility of the PCR-CTPP method, we should consider the specificity and similarity of melting temperatures of the designed primers by using algorithms and specific primer design softwares.

Conclusion: Strategies for optimizing the concentration ratio of internal and external primers, adding amplification additives to the PCR reaction mix, and use of the touchdown program are also recommended.

Keywords: PCR, PCR with confronting two-pair primers, Genomics, Single nucleotide polymorphism, Genotyping

Received: Aug 24, 2021

Accepted: Sep 4, 2022

How to cite the article: Zeinab Jamshidi, Kheirollah Yari. A Review of Optimization Strategies and the Advantages and Disadvantages of using Polymerase Chain Reaction with Confronting Two-Pair primers (PCR-CTPP) in Genomics Studies. SJKU 2022;27(4):121-132.

Copyright © 2018 the Author (s). Published by Kurdistan University of Medical Sciences. This is an open access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution-Non Commercial License 4.0 (CCBYNC), where it is permissible to download, share, remix, transform, and buildup the work provided it is properly cited. The work cannot be used commercially without permission from the journal

مروری بر استراتژی‌های بهینه‌سازی و معایب و مزایای روش PCR با استفاده از پرایمر های دو جفتی (PCR-CTPP) در مطالعات ژنومیکس

زینب جمشیدی^۱، خیراله یاری^۲

۱. دانشجوی کارشناسی بیوتکنولوژی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه ملایر، همدان، ایران، کد ارکید: ۰۰۰۰-۰۰۰۲-۶۵۷۳-۳۲۶۸
۲. استادیار، مرکز تحقیقات بیولوژی پزشکی، پژوهشکده فناوری‌های سلامت، دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه، کرمانشاه، ایران، (نویسنده مسئول)، پست الکترونیک: kyari@kums.ac.ir، تلفن: ۰۸۷-۳۴۲۷۶۴۷۳، کد ارکید: ۰۰۰۰-۰۰۰۲-۸۵۹۲-۷۶۵۱

چکیده

زمینه و هدف: روش های مختلفی برای تعیین ژنوتیپ در پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی وجود دارد. روش PCR با استفاده از پرایمر های دو جفتی (PCR-CTPP) روشی مناسب، کم هزینه، سریع برای تعیین ژنوتیپ پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی (SNPs) است که نسبت به سایر روش ها در زمان و هزینه صرفه جویی می کند. در روش PCR-CTPP، محصولات اختصاصی آلل ژن مورد نظر به صورت انتخابی با اضافه کردن دو جفت پرایمر به همراه میکس معمول PCR در یک لوله تکثیر می شوند. چهار پرایمر وابسته به آلل شامل، پرایمر F1 (سنس) و R1 (آنتی سنس) برای یک آلل که پرایمر R1 نوکلئوتید آنتی سنس را در انتهای 3' خود دارد و پرایمرهای F2 (سنس) و R2 (آنتی سنس) برای آلل دیگر که F2، نوکلئوتید سنس را در انتهای 3' خود دارد. در PCR-CTPP سه محصول با سایزهای مختلف تکثیر می شوند که امکان تعیین ژنوتیپ SNP را در ژل الکتروفورز فراهم می کند. به منظور افزایش تکرارپذیری و دقت نتایج PCR-CTPP، بهتر است قبل از تعیین ژنوتیپ نمونه، پروتکل این روش بهینه گردد. هدف این مطالعه مروری بر استراتژی های استفاده شده برای کاربرد بهینه و ذکر معایب و مزایای روش PCR-CTPP در مطالعات تعیین ژنوتیپ پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی است.

مواد و روش ها: مقالات مرتبط با روش PCR-CTPP از پایگاه های داده ای مانند ISI web of Science، Science، Pubmed، direct، Google scholar، SID و Scopus جستجو شد.

یافته ها: برای کارایی بیشتر و تکرارپذیری روش CTPP پیشنهاد می شود با الگوریتم و نرم افزارهای اختصاصی طراحی پرایمر، به اختصاصیت و یکسانی دماهای ذوب پرایمرهای طراحی شده توجه کرد.

نتیجه گیری: استراتژی های بهینه سازی نسبت غلظت پرایمرهای داخلی و خارجی، اضافه کردن مواد افزودنی تقویت کننده تکثیر به میکس واکنش PCR و استفاده از برنامه touchdown نیز پیشنهاد می شود.

واژه های کلیدی: PCR، PCR با استفاده از پرایمر های دو جفتی ژنوم، پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی تعیین ژنوتیپ

وصول مقاله: ۱۴۰۰/۶/۲ اصلاحیه نهایی: ۱۴۰۱/۵/۱۸ پذیرش: ۱۴۰۱/۶/۱۳

مقدمه

اکثر بیماری های انسانی می توانند زمینه ژنتیکی داشته باشند؛ لذا پژوهشگران برای مطالعه ژنوم و درک بهتر تأثیر ژن ها بر بیماری ها و پیامدهای آن، روش هایی برای تعیین توالی یک ژن (ژن ها) و بررسی تنوع ژنتیکی در ژنوم دنبال کرده اند (۱، ۲). به طور کلی تنوع ژنتیکی و واریانت های مختلف توالی های DNA می توانند در تنوع فنوتیپ ها، صفات، پاتوژن بیماری های انسانی و متابولیسم و عملکرد داروها نقش داشته باشد (۳، ۴). هرگونه تغییر در ژنوم و یا کروموزوم که قابلیت توارث به نسل بعدی را داشته باشند جهش یا موتاسیون می نامند که می تواند وراثتی باشد و یا در اثر عوامل محیطی مانند اشعه و یا ویروس ها ایجاد شوند. اگر جهش فقط باعث تغییر یک نوکلئوتید شود و فراوانی آن در جامعه بیشتر از ۱٪ باشد به آن پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی (Single Nucleotide Polymorphism: SNP) می گویند (۵). SNP در حقیقت تغییر در توالی DNA است که در آن یک نوکلئوتید در ژنوم افراد یک گونه یا جمعیت و یا بین یک جفت کروموزوم در یک فرد متفاوت است (۶). به طور کلی SNP ها از نظر موقعیت در ژنوم به دو دسته کلی طبقه بندی می شوند که شامل SNP های نواحی کد کننده که فراوانی کمی دارند و SNP هایی که در نواحی غیر کد کننده ژنوم هستند و معمولاً فراوانی بیشتری دارند می باشند. SNP ها می توانند کاربردهای زیادی در مطالعات ژنومیکس داشته باشند از جمله به عنوان نشانگرهای ملکولی در مطالعات ژنتیک بیماری ها، مهندسی و اصلاح ژنتیکی جمعیت، میانکنش دارو و DNA و نقشه یابی ژنتیکی استفاده می شوند (۷).

روش های مختلفی برای تعیین ژنوتیپ در پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی وجود دارد از جمله روش های مبتنی بر PCR که شامل روش های RFLP (Restriction fragment length polymorphism) (۸)، SSCP (Single-strand

Real-time، conformation polymorphism) با استفاده از پروب Taq Man ، AS-PCR و تکنیک های SNP Array و Invader assay و پیروسکونسینگ و next-generation sequencing (NGS) است (۹). همچنین در سال های اخیر روش های جدیدی برای بررسی ژنوتیپ SNP ها معرفی شده اند که ترکیبی از Multiplex PCR و فناوری NGS مانند پلتفرم Ion Torrent (۱۰، ۱۱)، AmpSeq (12) ، GBTS (13) و Seq-SNP در LGC (گروه انگلستان) می باشند که این روش ها می تواند هزاران SNP را هم زمان تعیین ژنوتیپ کنند. ولی در میان روش های نام برده روش های-PCR RFLP، Taq Man و Microarrays به طور معمول مورد استفاده قرار می گیرند هرچند هر کدام از این روش ها نیز مزایا و معایبی دارند. به طور مثال محققین در بسیاری از آزمایشگاه ها تمایل دارند از روش-PCR RFLP برای تعیین ژنوتیپ پلی مورفیسم ها در جمعیت های نسبتاً کوچک استفاده کنند (۱۴). اگرچه روش PCR- RFLP به آنزیم محدود الاثر و البته صرف زمان زیاد برای عملکرد آنزیم برشی نیاز دارد و یا تکنیک Taq Man که روشی سریع است؛ اما پرهزینه می باشد (۱۵)، روش ریز آرایه (Microarray) یک فناوری مولکولی قوی است که امکان مطالعه و تجزیه و تحلیل هم زمان صدها هزار SNP و ارزیابی تعداد واریانت های آن ها در یک آزمایش واحد را فراهم می کند. در سال های اخیر ریز آرایه های مقرون به صرفه ای طراحی شده اند که حاوی بیش از ۸۰۰ هزار واریانت هستند که امکان ارزیابی طیف وسیعی از گونه های ژنتیکی را فراهم می کنند (۱۶). همچنین استفاده از ریز آرایه ها می تواند تصویری دقیق از بیان ژن در سلول یا نمونه زیستی مورد مطالعه را نشان دهد (۱۷). استفاده از ریز آرایه ها برای تعیین ژنوتیپ SNP ها در کشورهای در حال توسعه پرهزینه است و ساخت آن برای هر بار استفاده زمان بر و برای ساخت نیاز به تجهیزات پیشرفته

مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی کردستان / دوره بیست و هفت / مهر و آبان ۱۴۰۱

دارد همچنین تجزیه و تحلیل داده‌های آن نیز مشکل است. علاوه بر این یک ایراد معمول در استفاده از ریزآرایه‌ها این احتمال است که برخی اطلاعات SNP ها مانند مکان کروموزومی که برای طراحی ریزآرایه استفاده می‌شود قدیمی باشد؛ لذا در استفاده از SNP ها برای فرمت‌های مختلف آرایه‌های تعیین ژنوتیپ سازگاری وجود نداشته باشد (۱۸). یکی از روش‌های بررسی SNP ها توالی یابی Sanger است که به دلیل قابلیت اطمینان و دقت بالای آن به عنوان «استاندارد طلایی» جهانی شناخته شده است؛ ولی این روش به کارکنان فنی معرب و ماهر و البته تجهیزات خاص برای انجام آزمایش نیاز دارد؛ بنابراین استفاده وسیع از آن‌ها برای تشخیص SNP ها در آزمایشگاه عمومی دشوار است (۱۹). روش پیروسکونسینگ (Pyrosequencing) هم برای تعیین ژنوتیپ SNP مناسب است؛ زیرا تعیین ژنوتیپ SNP های شناسایی شده به تعیین توالی فقط چند نوکلئوتید (۱-۵ جفت باز) نیاز دارد (۲۰). مزیت روش این است که هر پلی مورفیسم جدید قابل تشخیص است؛ ولی روش پیروسکونسینگ هم به تجهیزات ویژه‌ای برای توالی یابی و همچنین تزریق نوکلئوتیدها نیاز دارد (۵). هرچند پیشرفت‌های دهه‌های اخیر در فناوری‌های نسل جدید توالی یابی (NGS)، امکان بررسی SNP های بیشتر را فراهم می‌کند. استفاده از پلتفرم‌های NGS، مانند Roche/454 FLX, Illumina Genome Analyzer و ABI SOLID، نه تنها باعث افزایش توان عملیاتی داده‌ها می‌شود، بلکه هزینه توالی یابی را نیز به‌طور چشمگیری کاهش می‌دهد (۲۱). همچنین از انواع

تکنیک های برپایه PCR از جمله ، Real Time PCR ، Touchdown PCR، Allele-specific PCR، High Resolution Melt (HRM)، Nested-PCR و Multiplex PCR برای بررسی و تعیین ژنوتیپ پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی استفاده می‌شود (۲۲). تعیین ژنوتیپ با TaqMan (Real Time PCR) به دو پروب فلورسنت برای تشخیص محصولات PCR نیاز دارد، اگرچه تعیین ژنوتیپ با روش TaqMan دقیق و سریع است؛ اما هزینه‌های کار را افزایش می‌دهد (۱۹). یکی دیگر از روش‌های مطالعات پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی، روش Allele-specific PCR (AS-PCR) است که نمونه‌ها باید در چاهک‌های جداگانه در ژل آگارز الکتروفورز شوند؛ لذا برای هر سنجش نیاز به دو واکنش داشته باشد و هزینه آزمایش را دو برابر می‌کند (۱۹). Multiplex PCR یک نوع تغییر یافته از روش PCR است که در آن دو یا بیش از دو ناحیه از ژن به‌طور هم‌زمان در یک واکنش تکثیر می‌شوند. در دو دهه اخیر از تکنیک PCR-Confronting-two pair-polymerase (CTPP chain reaction) که روشی مبتنی بر روش Multiplex PCR است برای بررسی ژنوتیپ انواع گسترده‌ای از پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی استفاده می‌شود (۲۳، ۲۴). تکنیک PCR-CTPP اولین بار توسط Nobuyuki Hamajima در سال ۲۰۰۰ معرفی شد. در جدول ۱ به مقایسه مزایا و معایب روش PCR-CTPP با روش‌های معمول برای بررسی پلی مورفیسم ها پرداخته شده است.

جدول ۱. مقایسه برخی تکنیک های معمول استفاده شده در تعیین ژنوتیپ پلی مورفسم ها

تکنیک	مزایا	معایب	هزینه
Taq man	سریع	پرهزینه	زیاد
PCR-RFLP	کم هزینه	زمان بر	کم
PCR-CTPP	سریع و مقرون به صرفه	لزوم بهینه سازی دمای ذوب پرایمرهای مختلف	کم
Micro arrays	سرعت در انجام کار، امکان بررسی تعداد زیادی ژن به صورت هم زمان	پرهزینه، دشوار بودن دسترسی به الگوهای بیان ژن و زمان بر بودن تحلیل نتایج	زیاد

بر اساس نتایج گزارش شده از مطالعات مختلف، PCR-CTPP می تواند جایگزین مناسبی برای روش PCR-RFLP باشد؛ زیرا مرحله هضم آنزیم برش دهنده دیگر لازم نیست و در زمان و هزینه صرفه جویی می شود. روش PCR-CTPP نیازی به تجهیزات خاصی ندارد و در یک تک واکنش و تنها با مقدار کمی از مواد مصرفی استاندارد PCR انجام می شود (۱۹). از معایب این روش می توان به تکثیر نابرابر DNA در سیکل های آخر PCR اشاره کرد که احتمالاً دلیل آن دماهای ذوب مختلف در چهار پرایمر استفاده شده در این تکنیک باشد (۱۵). نتایج نشان می دهد برای کارایی بیشتر و تکرارپذیری روش CTPP باید با استفاده از الگوریتم و نرم افزارهای اختصاصی طراحی پرایمر، به اختصاصیت و یکسانی دماهای ذوب پرایمرهای طراحی شده توجه کرد.

بحث

به طور کلی روش PCR-CTPP با تکنیک amplification refractory mutation system- polymerase chain (ARMS) متفاوت است. آزمایش ARMS شامل دو واکنش مکمل است که هر کدام با استفاده از DNA الگوی یکسانی انجام می شود. اولین واکنش حاوی یک پرایمر ARMS وابسته به ال برای توالی DNA طبیعی است و نمی تواند DNA جهش یافته را در یک مکان مشخص تکثیر کند. به طور مشابه، واکنش دوم حاوی یک پرایمر خاص جهش یافته است و نمی تواند DNA طبیعی را تکثیر کند. هر

هدف این مطالعه، مروری بر استراتژی های بکار رفته برای کاربرد بهینه و ذکر معایب و مزایای روش PCR-CTPP در مطالعات تعیین ژنوتیپ پلی مورفسم های تک نوکلئوتیدی است.

مواد و روش ها

مقالات مرتبط با روش PCR-CTPP در پایگاه های داده ای مانند ISI web of Science، Science direct، Pubmed، Google scholar، SID و Scopus تا پایان ماه مارچ ۲۰۲۱ جستجو شد. از کلید واژه های "PCR-CTPP"، "PCR using two-pair primers"، "Single Nucleotide Polymorphism"، "Genotyping"، "SNP" و معادل فارسی آن ها برای جستجو در منابع مدنظر استفاده گردید. در ابتدا خلاصه مقالات مورد بررسی گردید و مقالاتی که از روش PCR-CTPP برای تعیین ژنوتیپ پلی مورفسم های تک نوکلئوتیدی استفاده کرده بودند انتخاب گردیدند. بر اساس خلاصه مقالات، چنانچه موضوع مقاله با هدف تطابق نداشت از مطالعه حذف می شدند. همچنین مقالاتی که متن کامل آن ها به زبان انگلیسی و یا فارسی نبودند از بررسی خارج گردیدند.

یافته ها

مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی کردستان / دوره بیست و هفت / مهر و آبان ۱۴۰۱

دو واکنش حاوی یک پرایمر معمولی PCR و همچنین یک جفت آغازگر کنترل داخلی هستند که ناحیه متفاوتی از ژنوم را با هم تکثیر می کنند (۲۵). اگرچه به طور کلی روش PCR-CTPP شبیه روش تترآرمز است که از دو جفت پرایمر استفاده می شود (۲۶). در روش PCR-CTPP، DNA الگو، آنزیم پلیمرز، میکس نوکلئوتیدها، بافر و دو جفت پرایمر در یک میکروتیوپ مخلوط و پس از تکثیر در دستگاه ترموسایکلر، نمونه های تکثیر شده بر روی ژل آگارز بارگذاری و الکتروفورز می شوند و بر اساس اندازه قطعات می توان ژنوتیپ هر SNP را مشخص کرد (۲۴). در این روش تعیین ژنوتیپ، از چهار پرایمر (آغازگر) در یک واکنش PCR استفاده می شود، دو آغازگر داخلی که اختصاصی پلی مورفیسم و دو آغازگر خارجی که برای آلل های نوع وحشی و جهش یافته مشترک هستند. به طور مثال اگر به صورت قراردادی X و Y دو آلل یک SNP باشند به منظور بررسی آن در یک نمونه چهار پرایمر طراحی شده به صورت زیر عمل می کنند. پرایمرهای F1 و R1 برای آلل X و پرایمرهای F2 و R2 برای آلل Y. در پرایمر R1 انتهای 3' پرایمر با آلل X و انتهای 3' پرایمر F2 با آلل Y مکمل می گردد. در مجموع نوکلئوتید انتهایی R1 و F2 باید در موقعیت SNP باشند. پرایمرهای F1 و R2 در واکنش PCR محصول C را تکثیر می نمایند که به عنوان کنترل واکنش است و همیشه تکثیر می گردد (شکل ۱). همچنان که در شکل ۱ مشاهده می گردد اگر ژنوتیپ XX باشد قطعات A و C و اگر ژنوتیپ YY باشد قطعات B و C تکثیر می شود. همچنین اگر ژنوتیپ پلی مورفیسم مورد نظر هتروزیگوت باشد قطعات A و B و C تکثیر می گردد (۲۷).

روش PCR-CTPP پرکاربرد، سریع، ساده و البته کم هزینه برای تعیین ژنوتیپ پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی است و برای مطالعه SNP ژن های مختلف در بسیاری از بیماری ها استفاده شده است (۲۴). در

مطالعات گذشته دقت و تکرارپذیری روش PCR-CTPP برای بررسی پلی مورفیسم های مختلف از جمله IL-1B, ALDH2, FUT2, XRCC1, DRD2, L-myc NQO1 C609T (Pro187Ser) و RFLP های تکنیک و توالی یابی DNA تأیید شده است (۲۸, ۲۹). بسیاری از SNP ها با این روش تعیین ژنوتیپ و ارتباط آن ها با مسیرهای متابولسمی (۳۰) و یا پاتوژن و خطر بیماری ها بررسی شده است، مانند بررسی ارتباط اینترلوکین ۱B (C-31T) با رفتارهای سیگار کشیدن (۳۱)، اینترلوکین ۲ (-330G) با آترونی معده ناشی از هلیکوباکتریلوری (۳۲)، گیرنده

آدرنژیک (Gln27Glu) با بیماری شدید عروق کرونر (۳۳)، آلدیدهیدروژناز ۲ (ALDH2) با خطر سرطان مری (۳۴)، MTHFR-C677T با بیماری آلزایمر (۳۵) استفاده شده است (۳۵). Niruri و همکاران در سال ۲۰۲۱، روش PCR-CTPP بهینه را با موفقیت برای تعیین واریانت های ژن rs1057910 CYP2C9 گزارش کردند. در این مطالعه نتایج تعیین ژنوتیپ با روش PCR-CTPP با توالی یابی DNA مطابقت داشت (۳۰). نتایج مطالعه Tamura و همکاران (۲۰۱۴) نشان داد که PCR-CTPP می تواند یکی از روش های جایگزین برای تعیین ژنوتیپ VKORC1 G-1639A و CYP2C9 A1075C برای تعیین اثرات وارفارین در جمعیت کشور ژاپن باشد (۳۶). در مطالعه Tamura و همکاران (۲۰۱۴)، فراوانی آلل های VKORC1 G-1639A و CYP2C9 A1075C با استفاده از روش PCR-CTPP با موارد گزارش شده در داده های HapMap از نظر صحت تأیید شد. هر دو SNP برای ۴۳۶ نمونه با روش DigiTag2 تکرار شدند؛ لذا این نتایج ثابت کرده است که PCR-CTPP برای ژنوتیپ VKORC1 G-1639A و CYP2C9 A1075C قابل استفاده است (۳۶). در مطالعه Darvishi و همکاران (۲۰۱۶) برای اولین بار کارایی روش

انجام شده برای بررسی پلی مورفیسم های ژنتیکی با روش PCR-CTPP سه گانه با روش های دیگری از جمله روش تعیین توالی (سکونسینگ) تأیید نشده‌اند.

طراحی پرایمر برای این روش مانند روش معمول PCR نیازمند در نظر گرفتن محدودیت های معمول طراحی پرایمر مانند طول آغازگر، تفاوت طول جفت آغازگر، طول محصول PCR، نسبت GC، دمای ذوب، وجود دیمرها، ساختار سنجاق سر و اختصاصیت پرایمرها است. در مطالعه Chuang و همکاران (۲۰۱۵)، یک روش مبتنی بر MA (الگوریتم ممتیک) برای امکان طراحی مجموعه های پرایمرهای CTPP پیشنهاد شده است (۱۴). در روش طراحی آغازگر CTPP مبتنی بر MA دماهای ذوب بحرانی و انواع ارزیابی محدودیت های رایج طراحی پرایمر را فراهم می کند تا به محققان در دستیابی به مجموعه های آغازگر CTPP کمک کند. الگوریتم MA-CTPP در JAVA راه اندازی شده و لینک ورود آن به صورت (<http://bio.kuas.edu.tw/ma-ctpp>) به صورت رایگان در دسترس است (۱۴). یکی از نکات کلیدی در طراحی پرایمر تنظیم دمای ذوب پرایمر است. روش CTPP تنها تفاوت کمی در دمای ذوب چهار آغازگر را تحمل می کند. به طوری که افزودن یک نوکلئوتید به پرایمر، دمای ذوب (Tm) آن را تغییر داده و باعث ایجاد اختلال در بالانس شدت باندهای PCR می شود. برای تنظیم پرایمر، دمای ذوب باید برای چهار پرایمر یکسان باشد اگرچه Tm محاسبه شده بر اساس تعداد نوکلئوتیدها و درصد ترکیب بازهای GC همیشه تعیین کننده اتصال دقیق پرایمر به DNA الگو نیست. مورد دیگری که در روش CTPP باید توجه شود تکثیر متوازن باندهای PCR است. اگر مقدار تولید DNA باند C (شکل ۱) از نظر مقدار بین دو آلل به طور بارزی متفاوت باشد و عدم تعادل با تغییر دمای PCR اصلاح نشود، می توان با افزودن یا حذف نوکلئوتیدها در برخی پرایمرها مشکل را اصلاح کرد (۱۱) (۲۳). با این حال مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی کردستان / دوره بیست و هفت / مهر و آبان ۱۴۰۱

PCR-CTPP را برای بررسی پلی مورفیسم 1031-TNF- α (rs1799964) در ناحیه تنظیمی پروموتور ژن در بیماران پریودنتیت مهاجم بررسی نمودند. در این مطالعه گزارش شد که روش PCR-CTPP روشی مناسب و دقیق برای بررسی پلی مورفیسم rs1799964 است به طوری که فراوانی این پلی مورفیسم در جمعیت کشور ایران با جمعیت سایر کشورها یکسان بود (۱۲). روش CTPP قابلیت آنالیز هم زمان چند پلی مورفیسم را دارد و محققین در مطالعات گذشته از CTPP چندگانه استفاده کرده اند. Kawai و همکاران در سال ۲۰۰۵، PCR-CTPP چهارگانه را برای تعیین ژنوتیپ هم زمان چهار پلی مورفیسم عملکردی آنزیم های متابولیزه کننده سرطان، GSTM1 null، CYP1A1 Ile462Val، GSTT1 null و NQO1 C609T گزارش کردند، نتایج آن ها نشان داد که این پلی مورفیسم ها ارتباط قابل توجهی با خطر سرطان دارند و پیشنهاد کردند که با توجه به دقت و ارزان بودن روش CTPP، از این روش برای بررسی پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی به منظور پیشگیری از سرطان به ویژه در مناطق آسیایی و اقیانوسیه که روش های تعیین ژنوتیپ گران قیمت به سختی در دسترس است، استفاده شود (۳۷). در مطالعه Kawase و همکاران در سال ۲۰۰۳، PCR-CTPP سه گانه را برای تعیین ژنوتیپ هم زمان سه پلی مورفیسم عملکردی آنزیم های GSTM1، NQO1 C609T، GSTT1 null و GSTT1 معرف می کردند. نتایج آن ها نشان داد همه این پلی مورفیسم ها ارتباط معنی داری با خطر سرطان دارند (۳۸). Tamakoshi و همکاران در سال ۲۰۰۳ (۳۹)، پلی مورفیسم زیر واحد بتای الکل دهیدروژناز Arg47His (ADH2) و آلدئید دهیدروژناز Glu487Lys (ALDH2) و همچنین Atsuta و همکاران در سال ۲۰۰۵ پلی مورفیسم های IL-1B C- و CYP2E1 RsaI/IL-2 T-330G 31T/TNF-A T-1031C با واکنش هم زمان CTPP دوگانه تعیین ژنوتیپ شدند (۴۰). اگرچه نتایج مطالعات

گاهی در PCR تکثیر نامتوازن باندهای اختصاصی آلل اتفاق می افتد. به این منظور می توان از روش بهینه شده آن بنام-one primer amplification of PCR (OPA-CTPP) استفاده کرد که در این روش با اتصال یک توالی عمومی (مشترک) به انتهای ۵' هر دو جفت پرایمرها و اضافه کردن پرایمر دیگری با همان توالی عمومی در PCR استفاده کرد؛ لذا در مجموع پنج آغازگر مختلف در یک میکروتیوب PCR اضافه خواهد شد. این روش برای مطالعه پلی مورفیسم A/G ژن (rs662) PON1 (paraoxonase1) و Gln192Arg استفاده شده است (۱۵). به منظور تکثیر متوازن باندها در روش CTPP، روش بهینه شده برای تشخیص پلی مورفیسم Arg48His در ژن ADH1B توسط Jiang و همکاران در سال ۲۰۱۶ معرفی شد (۱۹). همچنان که ذکر شد نوکلئوتید 3' در پرایمرهای اختصاصی الل متفاوت است؛ ولی در این روش نوکلئوتید موقعیت 3' آغازگرهای بیرونی نیز (علاوه بر آغازگرهای داخلی وابسته الل) تغییر دادند؛ لذا از تقویت تکثیر DNA کنترل غیر اختصاصی داخلی جلوگیری کرد و باعث توازن در تکثیر باندها شد. نتایج حاصل از این نوع بهینه شده PCR-CTPP با تعیین توالی Sanger تأیید شد (۱۹). همچنین در فرآیند بهینه سازی روش PCR-CTPP، تعیین نسبت مطلوب غلظت پرایمرها نیز ضروری است.

در مطالعه Niruri و همکاران (۲۰۲۱)، نسبت مطلوب پرایمرها را در روش PCR CTPP به منظور بررسی پلی مورفیسم CYP2C9 (rs1057910) در جمعیت اندونزی بهینه سازی کردند (۳۰). نتایج آنان نشان داد که باند آغازگرهای داخلی ضعیف ترین باند بود و پیشنهاد کردند نسبت غلظت آغازگر بیرونی و داخلی بهینه سازی شود. در مطالعه Niruri و همکاران، باند بهینه برای CYP2C9*1*1 در نسبت آغازگرهای خارجی (F1-F2) به داخلی (R2) ۲:۱ بود (۳۰). از آنجا که دو نوکلئوتید موجود در انتهای 3' آغازگرهای داخلی با الگو ناسازگار هستند؛ لذا ممکن است باندهای مربوطه ضعیف باشند؛ بنابراین اضافه کردن مواد افزودنی مانند dimethyl sulfoxide (DMSO)، betaine و ammonium sulfate (AMS) و همچنین استفاده از برنامه touchdown PCR به منظور افزایش عملکرد و اختصاصیت PCR راه حل های مناسبی برای این مشکلات است (جدول ۲). Dehghan Colagari و همکاران در سال ۲۰۱۸ از این روش PCR-CTPP بهینه شده برای بررسی ارتباط THFR-C677T با خطر بیماری آلزایمر استفاده کردند. نتایج آن ها نشان داد تعیین ژنوتیپ های SNP فوق الذکر را می توان با روش PCR-CTPP بهینه سازی شده که روشی قابل اعتماد است انجام داد (۳۵).

جدول ۲. استراتژی های بکار رفته برای بهینه سازی روش PCR-CTPP

منبع	استراتژی	نوع عملکرد	ردیف
------	----------	------------	------

مجله علمی دانشگاه علوم پزشکی کردستان / دوره بیست و هفت / مهر و آبان ۱۴۰۱

2. Ghaheri M, Kahrizi D, Yari K, Babaie A, Suthar R, Kazemi E. A comparative evaluation of four DNA extraction protocols from whole blood sample. *Cellular and Molecular Biology*. 2016;62(3):120-4.
3. Goldfeder RL, Wall DP, Khoury MJ, Ioannidis JP, Ashley EA. Human genome sequencing at the population scale: a primer on high-throughput DNA sequencing and analysis. *American journal of epidemiology*. 2017;186(8):1000-9.
4. Moradi MT, Yari K, Khodarahmi R. A novel, efficient, fast and inexpensive DNA extraction protocol from whole blood applicable for studying drug-DNA interaction. *The Journal of Reports in Pharmaceutical Sciences*. 2014;3(1):80-4.
5. Koopae HK, Koshkoiyeh AE. SNPs Genotyping technologies and their applications in farm animals breeding programs. *Brazilian Archives of Biology and Technology*. 2014;57:87-95.
6. Udoh LI, Willie P, Uzoabo C. Single Nucleotide Polymorphisms: A Modern Tool to Screen Plants for Desirable Traits. *Plant Breeding-Current and Future Views: IntechOpen*; 2021.
7. Ismail S, Essawi M. Genetic polymorphism studies in humans. *Middle East Journal of Medical Genetics*. 2012;1(2):57-63.
8. Jalilvand A, Yari K, Aznab M, Rahimi Z, Salahshouri Far I, Mohammadi P. A case-control study on the SNP309T→G and 40-bp Del1518 of the MDM2 gene and a systematic review for MDM2 polymorphisms in the patients with breast cancer. *Journal of Clinical Laboratory Analysis*. 2020;34(12):e23529.
9. Zhang J, Yang J, Zhang L, Luo J, Zhao H, Zhang J, et al. A new SNP genotyping technology Target SNP-seq and its application in genetic analysis of cucumber varieties. *Scientific reports*. 2020;10(1):1-11.
10. Onda Y, Takahagi K, Shimizu M, Inoue K, Mochida K. Multiplex PCR targeted amplicon sequencing (MTA-Seq): simple, flexible, and versatile SNP genotyping by highly multiplexed PCR amplicon sequencing. *Frontiers in plant science*. 2018;9:201.
11. Chen K, Zhou Y-x, Li K, Qi L-x, Zhang Q-f, Wang M-c, et al. A novel three-round multiplex PCR for SNP genotyping with next generation sequencing. *Analytical and bioanalytical chemistry*. 2016;408(16):4371-7.
12. Yang S, Fresnedo-Ramírez J, Wang M, Cote L, Schweitzer P, Barba P, et al. A next-generation marker genotyping platform (AmpSeq) in heterozygous crops: a case study for marker-assisted selection in grapevine. *Horticulture research*. 2016;3(1):1-12.
13. Guo Z, Wang H, Tao J, Ren Y, Xu C, Wu K, et al. Development of multiple SNP marker panels affordable to breeders through genotyping by target sequencing (GBTS) in maize. *Molecular Breeding*. 2019;39(3):1-12.
14. Chuang LY, Cheng YH, Yang CH. PCR-CTPP design for enzyme-free SNP genotyping using memetic algorithm. *IEEE transactions on nanobioscience*. 2015;14(1):13-23.
15. Yin G, Mitsuda Y, Ezaki T, Hamajima N. A new PCR method: one primer amplification of PCR-CTPP products. *Molecular biotechnology*. 2012;52(2):180-3.
16. Suratannon N, van Wijck RT, Broer L, Xue L, van Meurs JB, Barendregt BH, et al. Rapid low-cost microarray-based genotyping for genetic screening in primary immunodeficiency. *Frontiers in immunology*. 2020;11:614.
17. Russo G, Zegar C, Giordano A. Advantages and limitations of microarray technology in human cancer. *Oncogene*. 2003;22(42):6497-507.
18. Pavan S, Delvento C, Ricciardi L, Lotti C, Ciani E, D'Agostino N. Recommendations for choosing the genotyping method and best practices for quality control in crop genome-wide association studies. *Frontiers in Genetics*. 2020;11:447.

- 19.Jiang S, Tong Y, Zhao R, Xiong G, Qiao B, Li Y. An improved PCR-CTPP assay for the detection of ADH 1B Arg48His polymorphism. *Journal of clinical laboratory analysis*. 2018;32(2):e22268.
- 20.Vignal A, Milan D, SanCristobal M, Eggen A. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics selection evolution*. 2002;34(3):275-305.
- 21.Xu F, Wang W, Wang P, Li MJ, Sham PC, Wang J. A fast and accurate SNP detection algorithm for next-generation sequencing data. *Nature communications*. 2012;3(1):1-9.
- 22.Siyadat P, Ayatollahi H, Barati M, Sheikhi M, Shahidi M. High Resolution Melting Analysis for Evaluation of mir-612 (Rs12803915) Genetic Variant with Susceptibility to Pediatric Acute Lymphoblastic Leukemia. *Reports of Biochemistry & Molecular Biology*. 2021;9(4):385.
- 23.Hamajima N. PCR-CTPP: a new genotyping technique in the era of genetic epidemiology. *Expert review of molecular diagnostics*. 2001;1(1):119-23.
- 24.Darvishi E, Aziziaran Z, Yari K, Dehbaghi MB, Kahrizi D, Karim H, et al. Lack of association between the TNF- α -1031 genotypes and generalized aggressive periodontitis disease. *Cellular and Molecular Biology*. 2016;62(11):63-6.
- 25.Little S. Amplification-refractory mutation system (ARMS) analysis of point mutations. *Current protocols in human genetics*. 1995;7(1):9.8. 1-9.8. 12.
- 26.Lajin B, Alachkar A, Sakur AA. A quadruplex tetra-primer ARMS-PCR method for the simultaneous detection of TP53 Arg72Pro, IVS3 16 bp Del/Ins and IVS6+ 62A> G, and NQO1 C609T polymorphisms. *Gene*. 2012;504(2):268-73.
- 27.Hamajima N, Saito T, Matsuo K, Kozaki Ki, Takahashi T, Tajima K. Polymerase chain reaction with confronting two-pair primers for polymorphism genotyping. *Japanese Journal of Cancer Research*. 2000;91(9):865-8.
- 28.Hamajima N, Saito T, Matsuo K, Tajima K. Competitive amplification and unspecific amplification in polymerase chain reaction with confronting two-pair primers. *The Journal of molecular diagnostics*. 2002;4(2):103-7.
- 29.Hamajima N, Matsuo K, Saito T, Tajima K, Okuma K, Yamao K, et al. Interleukin 1 polymorphisms, lifestyle factors, and Helicobacter pylori infection. *Japanese journal of cancer research*. 2001;92(4):383-9.
- 30.Niruri R, Ardyanto T, Pangastuti A, Kusherwati D, editors. Two-Pair Primers PCR-CTPP Optimization to Identify rs1057910 CYP2C9 Gene Variants in Surakarta. *Journal of Physics: Conference Series*; 2021: IOP Publishing.
- 31.Katsuda N, Hamajima N, Tamakoshi A, Wakai K, Matsuo K, Saito T, et al. Helicobacter pylori seropositivity and the myeloperoxidase G-463A polymorphism in combination with interleukin-1B C-31T in Japanese health checkup examinees. *Japanese journal of clinical oncology*. 2003;33(4):192-7.
- 32.Togawa S, Joh T, Itoh M, Katsuda N, Ito H, Matsuo K, et al. Interleukin-2 gene polymorphisms associated with increased risk of gastric atrophy from Helicobacter pylori infection. *Helicobacter*. 2005;10(3):172-8.
- 33.Abu-Amero KK, Al-Boudari OM, Mohamed GH, Dzimir N. The Glu27 genotypes of the beta2-adrenergic receptor are predictors for severe coronary artery disease. *BMC Medical Genetics*. 2006;7(1):1-5.
- 34.Yang SJ, Wang HY, Li XQ, Du HZ, Zheng CJ, Chen HG, et al. Genetic polymorphisms of ADH2 and ALDH2 association with esophageal cancer risk in southwest China. *World journal of gastroenterology: WJG*. 2007;13(43):5760.

- 35.Colagari FD, Colagar AH, Zamani MR. Human MTHFR-C677T gene transition increased risk of Alzheimer disease: a case-control study which performed by optimized PCR-CTPP method. *Comparative Clinical Pathology*. 2018;27(4):879-85.
- 36.Tamura T, Katsuda N, Hamajima N. A PCR method for VKORC1 G-1639A and CYP2C9 A1075C genotyping useful to warfarin therapy among Japanese. *SpringerPlus*. 2014;3(1):1-6.
- 37.Kawai S, Nishio K, Nakamura S, Sekido Y, Niwa T, Hamajima N. Multiplex PCR with confronting two-pair primers for CYP1A1 Ile462Val, GSTM1, GSTT1, and NQO1 C609T. *Asian Pacific Journal of Cancer Prevention*. 2005;6(3):346.
- 38.Kawase H, Hamajima N, Tamakoshi A, Wakai K, Saito T, Tajima K. Triplex polymerase chain reactions with confronting two-pair primers (PCR-CTPP) for NQO1 C609T, GSTM1 and GSTT1 polymorphisms: a convenient genotyping method. *Asian Pacific Journal of Cancer Prevention*. 2003;4(1):67-70.
- 39.Tamakoshi A, Hamajima N, Kawase H, Wakai K, Katsuda N, Saito T, et al. Duplex Polymerase Chain Reaction with Confronting Two-Pair Primers (PCR-CTPP) for Genotyping Alcohol Dehydrogenase B Subunit (Adh2) and Aldehyde Dehydrogenase 2 (Aldh2). *Alcohol and Alcoholism*. 2003;38(5):407-10.
- 40.Atsuta Y, Kawase H, Hamajima N, Nishio K, Niwa Y, Tanaka D, et al. Use of Duplex PCR-CTPP Methods for CYP2E1 Rsa I/IL-2 T-330G and IL-1B C-31T/TNF-A T-1031C Polymorphisms. *Molecular Diagnosis*. 2005;9(2):89-94.