

Удостоверяване на автентичността на клетъчна линия на хамстер (къси тандемни повтори (STR)) | 900171

Предвид разпространението на кръстосаното замърсяване и неправилната идентификация, автентичността на клетките, използвани в научноизследователски проекти, представлява сериозен проблем. Смята се, че около 15-20 % от всички изследвания, базирани на клетъчни линии, се извършват с неправилно идентифицирани клетъчни линии. Ето защо определянето на профила на клетъчната линия чрез STR анализ е от решаващо значение за провеждането на надеждни и повторяеми изследвания. Освен това все по-голям брой списания изискват проверка на клетъчните линии, преди да приемат дадена статия.

Нашата услуга включва

- Удостоверяване на клетъчни линии
- Сравнение с онлайн бази данни
- Готов за публикуване доклад за анализ

Лесен за използване

- Моля, изтеглете [формуляра за поръчка за удостоверяване на клетъчни линии](#) и добавете попълнения и разпечатан лист към пратката с пробите.
- Моля, изпратете ни пробите в подплатен плик на стайна температура.
- За гДНК, моля, изпратете ни $\geq 50 \mu\text{l}$ от $50\text{ng}/\mu\text{l}$ гДНК в Tris или EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- За клетъчни пелети, моля, предоставете ни 1,0-5,0 милиона клетки като клетъчен пелет. Моля, промийте два пъти с PBS и ресуспендирайте в 0,5 ml 70-90% етанол.

Маркери

- Човешките клетки се типизират със системата PowerPlex на Promega, като се използват 16 STR маркера.
- Клетките на мишки се типизират с 18 STR маркера.
- Клетките на плъхове се типизират с 14 STR маркера и един специфичен за пола маркер.
- Клетките на кучета се типизират с 11 STR маркера.
- Клетките на хамстера са типизирани с 10 STR маркера.

Резултати

Ще получите резултатите в рамките на 2 седмици по имейл. Резултатите включват сравнение на данните с базата данни на Cellosaurus. Клетъчната линия ще бъде класифицирана като автентична или неправилно идентифицирана.

Къси тандемни повторения (STR)

ДНК мотив от 2-13 бази, който се повтаря до няколкостотин пъти, съставлява късо тандемно повторение (STR). Индивидуалната променливост в броя на повторенията в STR води до вариации в дължината на произведените фрагменти при използване на PCR. Клетъчните линии се профилират, като се използват тези вариации в дължината на фрагментите в няколко локуса.

Откриване на смеси от клетъчни линии

Възможно е да се идентифицира замърсяване на една клетъчна линия от една или повече допълнителни клетъчни линии до 10 % честота на замърсяващата клетъчна линия. Комбинациите от клетъчни линии обикновено предоставят STR профили с три или повече пика за един или няколко локуса.