Product sheet

Удостоверяване на автентичността на човешки клетъчни ли
нии (къси тандемни повтори (STR)) | 900154

Предвид честотата на кръстосаното замърсяване и грешната идентификация, автентичността на клетките, използвани в научноизследователски проекти, е сериозен повод за загриженост. Смята се, че около 15–20 % от всички изследвания, основани 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 възпроизводими изследвания. Освен това все повече научни списания изискват верификация на клетъчните линии, преди да приемат дадена статия.

Нашата услуга включва

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

Лесен за използване

- Моля, изтеглете **формуляра за поръчка за удостоверяване на клетъчни линии** и приложете попълнения и разпечатан формуляр към пратката с пробите.
- Моля, изпратете ни пробите в подплатен плик при стайна температура.
- За gDNA, моля, ни предоставете ≥ 50 µl от 50 ng/µl gDNA в Tris или EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- За клетъчни пелети, моля, ни предоставете 1,0–5,0 милиона клетки под формата на клетъчен пелет. Моля, измийте два пъти с PBS и ресуспендирайте в 0,5 ml 70–90% етанол.

Маркери

- Човешките клетки се типизират с PowerPlex System на Promega, като се използват 16 STR маркера.
- Клетките от мишки се типизират с 18 STR маркера.
- Клетките от плъхове се типизират с 14 STR маркера и един специфичен за пола маркер.
- Клетките от куче се типизират с 11 STR маркера.
- Клетките на хамстерите се типизират с 10 STR маркера.

Резултати

Резултатите ще получите по имейл в рамките на 2 седмици. Резултатите включват сравнение на данните с базата данни 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 къса тандемна повторение (STR). Индивидуалната вариабилност в броя на повторенията в едно STR води до вариации в дължината на получените 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 с една или повече допълнителни клетъчни линии при честота на замърсяващата клетъчна линия до 10%. Комбинациите от клетъчни линии обикновено дават STR профили с три или повече пика за един или няколко локуса.