

Удостоверяване на плъши клетъчни линии (къси тандемни повторения (STR)) | 900172

Предвид честотата на кръстосаното заразяване 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 дадена клетъчна 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.

Нашите услуги включват

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

Лесен за използване

- Моля, изтеглете [формуляра за поръчка за удостоверяване на клетъчна линия](#) 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 $\geq 50 \mu\text{l}$ от $50 \text{ ng}/\mu\text{l}$ gDNA в Tris или EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- За клетъчни пелети, моля, предоставете ни 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 от 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 хамстери 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 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 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.