

Autentificering af hamstercellelinjer (kort tandemrepetition (STR)) | 900171

På grund af udbredelsen af krydskontaminering og fejlidentifikation er ægtheden af de celler, der anvendes i videnskabelige forskningsprojekter, et stort problem. Det anslås, at ca. 15-20 % af al cellelinjebaseret forskning arbejder med fejlidentificerede cellelinjer. Derfor er det afgørende at bestemme en cellelinjes profil ved hjælp af STR-analyse for at kunne udføre pålidelig og gentagelig forskning. Derudover kræver et stigende antal tidsskrifter verificering af cellelinjer, før de accepterer en artikel.

Vores service omfatter

- Autentificering af cellelinjer
- Sammenligning med onlinedatabaser
- Publikationsklar analyserapport

Let at bruge

- Download [bestillingsformularen for cellelinjeautentificering](#), og vedlæg det udfyldte og udskrevne ark i din prøveforsendelse.
- Send os prøverne i en polstret kuvert ved stuetemperatur.
- For gDNA skal du give os $\geq 50 \mu\text{l}$ af 50ng/ μl gDNA i Tris eller EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- For cellepellets skal du give os 1,0-5,0 millioner celler som en cellepellet. Vask to gange med PBS, og resuspender i 0,5 ml 70-90 % ethanol.

Markører

- Humane celler typebestemmes med PowerPlex-systemet fra Promega ved hjælp af 16 STR-markører.
- Museceller typebestemmes med 18 STR-markører.
- Rottceller typebestemmes med 14 STR-markører og en kønsspecifik markør.
- Hundeceller er typet med 11 STR-markører.
- Hamsterceller er typet med 10 STR-markører.

Resultater

Du får resultaterne inden for 2 uger pr. e-mail. Resultaterne omfatter en sammenligning af data med Cellosaurus-databasen. Cellelinjen vil blive klassificeret som autentificeret eller fejlidentificeret.

Korte tandemgentagelser (STR'er)

Et DNA-motiv på 2-13 baser, der gentages op til flere hundrede gange, udgør en kort tandemrepetition (STR). Individuel variation i antallet af gentagelser i en STR fører til variationer i længden af de producerede fragmenter, når man anvender PCR. Cellelinjerne profileres ved hjælp af disse variationer i fragmentlængder ved flere loci.

Påvisning af blandinger af cellelinjer

Det er muligt at identificere kontaminering af en cellelinje med en eller flere andre cellelinjer ned til en frekvens på 10 % af den kontaminerende cellelinje. Cellelinjekombinationer giver typisk STR-profiler med tre eller flere toppe for en enkelt eller flere loci.