

Autentificering af cellelinjer fra hunde (Short Tandem Repeat (STR)) | 900170

I betragtning af, hvor udbredt krydskontaminering og fejlagtig identifikation er, udgør ægtheden af de celler, der anvendes i videnskabelige forskningsprojekter, et stort problem. Det anslås, at ca. 15–20 % af al forskning baseret på cellelinjer foregår med fejlagtigt identificerede cellelinjer. Derfor er det afgørende at bestemme en cellelinjes profil ved hjælp af STR-analyse for at kunne gennemføre pålidelig og repeterbar forskning. Derudover kræver et stigende antal tidsskrifter verifikation af cellelinjer, før de accepterer en artikel.

Vores service omfatter

- Autentificering af cellelinjer
- Sammenligning med online-databaser
- Analyseberetning klar til publikation

Brugervenlig

- Download venligst [bestillingsformularen til autentificering af cellelinjer](#), og vedlæg det udfyldte og udskrevne ark sammen med din prøveforsendelse.
- Send venligst prøverne til os i en polstret kuvert ved stuetemperatur.
- For gDNA bedes du levere $\geq 50 \mu\text{l}$ af $50 \text{ ng}/\mu\text{l}$ gDNA i Tris eller EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- For cellepellets bedes du levere 1,0–5,0 millioner celler som en cellepellet. Vask venligst 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 ved hjælp af 18 STR-markører.
- Rotteceller typebestemmes med 14 STR-markører og én kønsspecifik markør.
- Hundeceller typebestemmes ved hjælp af 11 STR-markører.
- Hamsterceller typebestemmes ved hjælp af 10 STR-markører.

Resultater

Du modtager resultaterne inden for 2 uger via e-mail. Resultaterne omfatter en sammenligning af dataene med Cellosaurus-databasen. Cellelinjen klassificeres som autentificeret eller fejlagtigt identificeret.

Korte tandemgentagelser (STR'er)

Et DNA-motiv på 2–13 baser, der gentages op til flere hundrede gange, udgør en kort tandemgentagelse (STR). Individuelle variationer i antallet af gentagelser i en STR fører til variationer i længden af de producerede fragmenter, når der anvendes PCR. Cellelinjerne profileres ved hjælp af disse variationer i fragmentlængder på 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 hyppighed på 10 % af den kontaminerende cellelinje. Kombinationer af cellelinjer giver typisk STR-profiler med tre eller flere toppe for et enkelt eller flere loci.