Product sheet

Authentifizierung von Maus-Zelllinien (Short Tandem Repeat (STR)) | 900654

Angesichts der Häufigkeit von Kreuzkontaminationen und Fehlidentifizierungen ist die Authentizität der in wissenschaftlichen Forschungsprojekten verwendeten Zellen ein wichtiges Anliegen. Schätzungen zufolge werden bei etwa 15–20 % aller auf Zelllinien basierenden Forschungsarbeiten falsch identifizierte Zelllinien verwendet. Daher ist die Bestimmung des Profils einer Zelllinie mittels STR-Analyse entscheidend für die Durchführung zuverlässiger und reproduzierbarer Forschung. Zudem verlangen immer mehr Fachzeitschriften eine Verifizierung der Zelllinie, bevor sie einen Artikel annehmen.

Unser Service umfasst

- Authentifizierung von Zelllinien
- Abgleich mit Online-Datenbanken
- Veröffentlichungsfähiger Analysebericht

Einfach zu handhaben

- Bitte laden Sie das **Bestellformular für die Zelllinienauthentifizierung** herunter und legen Sie das ausgefüllte und ausgedruckte Formular Ihrer Probenzusendung bei.
- Bitte senden Sie uns die Proben in einem gepolsterten Umschlag bei Raumtemperatur zu.
- Für gDNA stellen Sie uns bitte ≥ 50 µl einer 50 ng/µl-gDNA-Lösung in Tris oder EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA) zur Verfügung.
- Für Zellpellets stellen Sie uns bitte 1,0–5,0 Millionen Zellen als Zellpellet zur Verfügung. Bitte waschen Sie diese zweimal mit PBS und resuspendieren Sie sie in 0,5 ml 70–90 %igem Ethanol.

Marker

- Menschliche Zellen werden mit dem PowerPlex-System von Promega unter Verwendung von 16 STR-Markern typisiert.
- Mauszellen werden mit 18 STR-Markern typisiert.
- Rattenzellen werden mit 14 STR-Markern und einem geschlechtsspezifischen Marker typisiert.
- Hundezellen werden mit 11 STR-Markern typisiert.
- Hamsterzellen werden mit 10 STR-Markern typisiert.

Ergebnisse

Sie erhalten die Ergebnisse innerhalb von 2 Wochen per E-Mail. Die Ergebnisse umfassen den Abgleich der Daten mit der Cellosaurus-Datenbank. Die Zelllinie wird als authentifiziert oder falsch identifiziert eingestuft.

Kurze Tandem-Wiederholungen (STR)

Ein DNA-Motiv aus 2–13 Basen, das sich bis zu mehreren hundert Mal wiederholt, bildet eine kurze Tandemwiederholung (STR). Individuelle Unterschiede in der Anzahl der Wiederholungen innerhalb einer STR führen bei der Anwendung der PCR zu Variationen in der Länge der erzeugten Fragmente. Die Zelllinien werden anhand dieser Variationen in den Fragmentlängen an mehreren Loci profiliert.

Nachweis von Zelllinienmischen

Es ist möglich, eine Kontamination einer Zelllinie durch eine oder mehrere weitere Zelllinien bereits ab einer Häufigkeit von 10 % der kontaminierenden Zelllinie zu identifizieren. Zelllinienkombinationen liefern typischerweise STR-Profile mit drei oder mehr Peaks für einen einzelnen oder mehrere Loci.