

Authentifizierung der Zelllinie - Hamster | 900171

Angesichts der Häufigkeit von Kreuzkontaminationen und falscher Identifizierung ist die Authentizität der in wissenschaftlichen Forschungsprojekten verwendeten Zellen ein wichtiges Anliegen. Es wird geschätzt, dass etwa 15-20 % aller zelllinienbasierten Forschungsarbeiten mit falsch identifizierten Zelllinien durchgeführt werden. Daher ist die Bestimmung des Profils einer Zelllinie mithilfe der STR-Analyse von entscheidender Bedeutung für die Durchführung zuverlässiger und wiederholbarer Forschungsarbeiten. Darüber hinaus verlangen immer mehr Fachzeitschriften eine Überprüfung der Zelllinien, bevor sie einen Artikel akzeptieren.

Unsere Dienstleistungen umfassen

- Authentifizierung von Zelllinien
- Vergleich mit Online-Datenbanken
- Veröffentlichungsfertiger Analysebericht

Einfach zu verwenden

- Bitte laden Sie das [Auftragsformular für die Zelllinien-Authentifizierung](#) herunter **und** legen Sie das ausgefüllte und ausgedruckte Blatt Ihrer Probensendung bei.
- Bitte senden Sie uns die Proben in einem gepolsterten Umschlag bei Raumtemperatur zu.
- Für gDNA liefern Sie uns bitte $\geq 50 \mu\text{l}$ von $50\text{ng}/\mu\text{l}$ gDNA in Tris oder EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- Für Zellpellets liefern Sie uns bitte 1,0-5,0 Millionen Zellen als Zellpellet. Bitte zweimal mit PBS waschen und in 0,5 ml 70-90%igem Ethanol resuspendieren.

Marker

- Menschliche Zellen werden mit dem PowerPlex-System von Promega mit 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 beinhalten den Vergleich der Daten mit der Cellosaurus-Datenbank. Die Zelllinie wird als authentisch oder falsch identifiziert eingestuft.

Kurze Tandemwiederholungen (STRs)

Ein DNA-Motiv von 2-13 Basen, das bis zu mehreren hundert Mal wiederholt wird, bildet eine kurze Tandemwiederholung (STR). Die individuelle Variabilität in der Anzahl der Wiederholungen in einer STR führt zu Variationen in der Länge der produzierten Fragmente, wenn PCR eingesetzt wird. Die Zelllinien werden anhand dieser Variationen der Fragmentlängen an mehreren Loci profiliert.

Nachweis von Zelllinienmischungen

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