

Autenticación de líneas celulares caninas (STR) | 900170

Dada la prevalencia de la contaminación cruzada y la identificación errónea, la autenticidad de las células empleadas en proyectos de investigación científica es una preocupación importante. Se estima que entre el 15 % y el 20 % de toda la investigación basada en líneas celulares se lleva a cabo con líneas celulares identificadas erróneamente. Por lo tanto, determinar el perfil de una línea celular mediante el análisis STR es fundamental para llevar a cabo una investigación fiable y reproducible. Además, un número cada vez mayor de revistas exige la verificación de las líneas celulares antes de aceptar un artículo.

Nuestro servicio incluye

- Autenticación de líneas celulares
- Comparación con bases de datos en línea
- Informe de análisis listo para su publicación

Fácil de usar

- Descarga el [formulario de pedido de autenticación de líneas celulares](#) y adjunta la hoja cumplimentada e impresa a tu envío de muestras.
- Envíenos las muestras en un sobre acolchado a temperatura ambiente.
- Para el ADN genómico (gDNA), facilítenos $\geq 50 \mu\text{l}$ de gDNA a $50 \text{ ng}/\mu\text{l}$ en Tris o EDTA (10 mM de Tris, 0,1 mM de EDTA).
- En el caso de los sedimentos celulares, facilítenos entre 1,0 y 5,0 millones de células en forma de sedimento. Lávelas dos veces con PBS y resuspenda en 0,5 ml de etanol al 70-90 %.

Marcadores

- Las células humanas se tipifican con el sistema PowerPlex de Promega utilizando 16 marcadores STR.
- Las células de ratón se tipifican con 18 marcadores STR.
- Las células de rata se tipifican con 14 marcadores STR y un marcador específico de sexo.
- Las células de perro se tipifican con 11 marcadores STR.
- Las células de hámster se tipifican con 10 marcadores STR.

Resultados

Recibirá los resultados por correo electrónico en un plazo de dos semanas. Los resultados incluyen la comparación de los datos con la base de datos Cellosaurus. La línea celular se clasificará como «autenticada» o «mal identificada».

Repeticiones en tándem cortas (STR)

Un motivo de ADN de entre 2 y 13 bases que se repite hasta varios cientos de veces constituye una repetición en tándem corta (STR). La variabilidad individual en el número de repeticiones de una STR da lugar a variaciones en la longitud de los fragmentos producidos al emplear la PCR. Las líneas celulares se caracterizan utilizando estas variaciones en la longitud de los fragmentos en varios loci.

Detección de mezclas de líneas celulares

Es posible identificar la contaminación de una línea celular por una o más líneas celulares adicionales, incluso con una frecuencia de la línea celular contaminante de tan solo el 10 %. Las combinaciones de líneas celulares suelen proporcionar perfiles de STR con tres o más picos para uno o varios loci.