

Authentification de la lignée cellulaire de hamster (Short Tandem Repeat (STR)) | 900171

Compte tenu de la prévalence de la contamination croisée et des erreurs d'identification, l'authenticité des cellules utilisées dans les projets de recherche scientifique est une préoccupation majeure. On estime qu'environ 15 à 20 % de toutes les recherches basées sur des lignées cellulaires utilisent des lignées cellulaires mal identifiées. Par conséquent, la détermination du profil d'une lignée cellulaire à l'aide de l'analyse STR est cruciale pour mener des recherches fiables et reproductibles. En outre, un nombre croissant de revues exigent la vérification des lignées cellulaires avant d'accepter un article.

Notre service comprend

- L'authentification de la lignée cellulaire
- Comparaison avec des bases de données en ligne
- Rapport d'analyse prêt à être publié

Facilité d'utilisation

- Veuillez télécharger le [formulaire de commande pour l'authentification des lignées cellulaires](#) et ajouter la feuille remplie et imprimée à votre envoi d'échantillons.
- Veuillez nous envoyer les échantillons dans une enveloppe matelassée à température ambiante.
- Pour l'ADNg, veuillez nous fournir $\geq 50 \mu\text{l}$ de $50\text{ng}/\mu\text{l}$ d'ADNg dans du Tris ou de l'EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- Pour les culots cellulaires, veuillez nous fournir de 1,0 à 5,0 millions de cellules comme culot cellulaire. Laver deux fois avec du PBS et remettre en suspension dans 0,5 ml d'éthanol à 70-90%.

Marqueurs

- Les cellules humaines sont typées avec le système PowerPlex de Promega en utilisant 16 marqueurs STR.
- Les cellules de souris sont typées avec 18 marqueurs STR.
- Les cellules de rat sont typées avec 14 marqueurs STR et un marqueur spécifique du sexe.
- Les cellules de chien sont typées avec 11 marqueurs STR.
- Les cellules de hamster sont typées avec 10 marqueurs STR.

Résultats

Vous recevrez les résultats dans un délai de 2 semaines par courrier électronique. Les résultats comprennent la comparaison des données avec la base de données Cellosaurus. La lignée cellulaire sera classée comme authentifiée ou mal identifiée.

Répétitions en tandem courtes (STR)

Un motif d'ADN de 2 à 13 bases répété jusqu'à plusieurs centaines de fois constitue une courte répétition en tandem (STR). La variabilité individuelle du nombre de répétitions dans un STR entraîne des variations dans la longueur des fragments produits lors de l'utilisation de la PCR. Les lignées cellulaires sont profilées à l'aide de ces variations de longueur des fragments à plusieurs loci.

Détection des mélanges de lignées cellulaires

Il est possible d'identifier la contamination d'une lignée cellulaire par une ou plusieurs lignées cellulaires supplémentaires jusqu'à une fréquence de 10 % de la lignée cellulaire contaminante. Les combinaisons de lignées cellulaires fournissent généralement des profils STR avec trois pics ou plus pour un ou plusieurs loci.