

Authentification des lignées cellulaires humaines (Short Tandem Repeat (STR)) | 900154

Compte tenu de la fréquence des contaminations croisées et des erreurs d'identification, l'authenticité des cellules utilisées dans les projets de recherche scientifique constitue une préoccupation majeure. On estime qu'environ 15 à 20 % de l'ensemble des recherches basées sur des lignées cellulaires s'appuient sur des lignées mal identifiées. Par conséquent, la détermination du profil d'une lignée cellulaire à l'aide de l'analyse STR est essentielle pour mener des recherches fiables et reproductibles. De plus, un nombre croissant de revues exigent la vérification des lignées cellulaires avant d'accepter un article.

Notre service comprend

- L'authentification des lignées cellulaires
- Comparaison avec des bases de données en ligne
- Un rapport d'analyse prêt à être publié

Facile à utiliser

- Veuillez télécharger le [formulaire de commande d'authentification de lignée cellulaire](#) et joindre le formulaire rempli et imprimé à votre envoi d'échantillons.
- Veuillez nous envoyer les échantillons dans une enveloppe matelassée à température ambiante.
- Pour l'ADN génomique, veuillez nous fournir $\geq 50 \mu\text{l}$ d'ADN génomique à $50 \text{ ng}/\mu\text{l}$ dans du Tris ou de l'EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- Pour les culots cellulaires, veuillez nous fournir 1,0 à 5,0 millions de cellules sous forme de culot cellulaire. Veuillez les laver deux fois avec du PBS et les remettre en suspension dans 0,5 ml d'éthanol à 70-90 %.

Marqueurs

- Les cellules humaines sont typées à l'aide du système PowerPlex de Promega utilisant 16 marqueurs STR.
- Les cellules de souris sont typées à l'aide de 18 marqueurs STR.
- Les cellules de rat sont typées à l'aide de 14 marqueurs STR et d'un marqueur spécifique au sexe.
- Les cellules de chien sont typées à l'aide de 11 marqueurs STR.
- Les cellules de hamster sont typées à l'aide de 10 marqueurs STR.

Résultats

Vous recevrez les résultats par e-mail dans un délai de 2 semaines. 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 qui se répète jusqu'à plusieurs centaines de fois constitue une répétition en tandem courte (STR). La variabilité individuelle du nombre de répétitions dans une 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 sur 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 présentant trois pics ou plus pour un ou plusieurs loci.