

Egérsejtvonal-hitelesítés (rövid tandemismétlés (STR))

| 900654

Tekintettel a keresztfertőzés és a téves azonosítás gyakoriságára, a tudományos kutatási projektekben felhasznált sejtek hitelessége komoly aggodalomra ad okot. Becslések szerint az összes sejtvonal-alapú kutatás mintegy 15–20%-a tévesen azonosított sejtvonalakkal dolgozik. Ezért a sejtvonal profiljának STR-elemzéssel történő meghatározása elengedhetetlen a megbízható és megismételhető kutatások elvégzéséhez. Ezen felül egyre több folyóirat követeli meg a sejtvonal hitelesítését a cikkek elfogadásának feltételeként.

Szolgáltatásunk a következőket tartalmazza

- Sejtvonal-hitelesítés
- Összehasonlítás online adatbázisokkal
- Közzétételre kész elemzési jelentés

Könnyen használható

- Kérjük, töltsse le a [sejtvonal-hitelesítési megrendelőlapot](#), és a kitöltött, kinyomtatott példányt csatolja a mintákhoz.
- Kérjük, a mintákat párnázott borítékban, szobahőmérsékleten küldje el nekünk.
- gDNA esetén kérjük, küldjön nekünk $\geq 50 \mu\text{l}$ 50 ng/ μl gDNA-t Tris vagy EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA) oldatban.
- Sejtpellet esetén kérjük, biztosítson számunkra 1,0–5,0 millió sejtet sejtpellet formájában. Kérjük, mossa le kétszer PBS-sel, majd szuszpendálja 0,5 ml 70–90%-os etanolban.

Markerek

- Az emberi sejteket a Promega PowerPlex rendszerével, 16 STR-marker segítségével tipizáljuk.
- Az egérsejteket 18 STR-markerrel tipizáljuk.
- A patkánysejteket 14 STR-marker és egy nem-specifikus marker segítségével tipizáljuk.
- A kutyasejteket 11 STR-markerrel tipizáljuk.
- A hörcsögsejtek tipizálása 10 STR-markerrel történik.

Eredmények

Az eredményeket 2 héten belül e-mailben kapja meg. Az eredmények tartalmazzák az adatok összehasonlítását a Cellosaurus adatbázissal. A sejtvonalat hitelesítettnek vagy tévesen azonosítottként minősítik.

Rövid tandem ismétlődések (STR-ek)

A rövid tandem ismétlődéseket (STR) 2–13 bázisból álló DNS-motívumok alkotják, amelyek akár több százszor is megismétlődhetnek. Az STR-ekben az ismétlődések számának egyéni eltérései a PCR alkalmazásakor a keletkező fragmensek hosszának eltéréseihez vezetnek. A sejtvonalakat több lókuszban a fragmensek hosszának ezekkel az eltéréseivel profilozzuk.

Sejtvonal-keverékek kimutatása

Lehetséges egy sejtvonal szennyeződésének azonosítása egy vagy több további sejtvonal által, akár a szennyező sejtvonal 10%-os gyakoriságáig. A sejtvonal-kombinációk általában három vagy több csúcst tartalmazó STR-profilokat eredményeznek egy vagy több lókuszesetben.