

Hamster sejtvonala hitelesítés (rövid tandemisméltés (STR)) | 900171

Tekintettel a keresztszennyezés és a téves azonosítás gyakoriságára, a tudományos kutatási projektekben használt sejtek hitelessége komoly aggodalomra ad okot. Becslések szerint a sejtvonalaakon alapuló kutatások mintegy 15-20%-a tévesen azonosított sejtvonalaakkal dolgozik. Ezért a sejtvonala profiljának STR-analízis segítségével történő meghatározása kulcsfontosságú a megbízható és megisméltelhető kutatások elvégzéséhez. Emellett egyre több folyóirat követeli meg a sejtvonala ellenőrzését, mielőtt egy cikket elfogadnak.

Szolgáltatásunk a következőket foglalja magában

- Sejtvonala-hitelesítés
- Összehasonlítás online adatbázisokkal
- Publikációra kész elemzési jelentés

Könnyen használható

- Kérjük, töltsse le a [sejtvonala-hitelesítési megrendelőlapot](#), és a kitöltött és kinyomtatott lapot csatolja a mintaszállítványhoz.
- Kérjük, hogy a mintákat szobahőmérsékleten, kitömött borítékban küldje el nekünk.
- A gDNS esetében kérjük, küldjön nekünk $\geq 50 \mu\text{l}$ 50ng/ μl gDNS-t Trisben vagy EDTA-ban (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- Sejtpetlet esetén kérjük, hogy 1,0-5,0 millió sejtet adjon nekünk sejtpetletként. Kérjük, mosson kétszer PBS-szel, és szuszpendálja újra 0,5 ml 70-90%-os etanolban.

Markerek

- A humán sejteket a Promega PowerPlex rendszerével tipizáljuk 16 STR markerrel.
- Az egérsejteket 18 STR markerrel tipizáljuk.
- A patkánysejteket 14 STR markerrel és egy nemspecifikus markerrel tipizáljuk.
- A kutyasejteket 11 STR markerrel tipizálják.
- A hörcsögsejteket 10 STR markerrel tipizálják.

Eredmények

Az eredményeket 2 héten belül megkapja e-mailben. Az eredmények tartalmazzák az adatok összehasonlítását a Cellosaurus adatbázisával. A sejtvonala hitelesítettnek vagy tévesen azonosítottnak minősítjük.

Rövid tandemisméltések (STR)

Egy 2-13 bázisból álló, akár több százszor isméltlődő DNS-motívum alkotja a rövid tandemisméltést (STR). Az STR-ben lévő isméltlődések számának egyéni változékonysága a PCR alkalmazásakor az előállított fragmentumok hosszának eltéréséhez vezet. A sejtvonalaakat a fragmentumok hosszának ezen variációi alapján profillozzák több lokalizációban.

A sejtvonala keverékeinek kimutatása

Egy sejtvonala egy vagy több további sejtvonallal való szennyezését a szennyező sejtvonala 10%-os gyakoriságáig lehet azonosítani. A sejtvonala-kombinációk jellemzően három vagy több csúcsot tartalmazó STR-profilokat adnak egy vagy több lókusztira vonatkozóan.