

## Patkány sejtvonala hitelesítés (rövid tandemismétlés (STR)) | 900172

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

### Szolgáltatásunk a következőket tartalmazza

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

### Könnyen használható

- Kérjük, töltsse le a [sejtvonala-hitelesítési megrendelőlapot](#), és a kitöltött, kinyomtatott példányt csatolja a mintákhoz.
- Kérjük, a mintákat párnázott borítékban, szobahőmérsékleten küldje el nekünk.
- gDNA esetén kérjük, küldjön nekünk  $\geq 50 \mu\text{l}$   $50 \text{ ng}/\mu\text{l}$  gDNA-t Tris vagy EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA) oldatban.
- Sejt pellet esetén kérjük, biztosítson számunkra 1,0–5,0 millió sejtet sejt pellet 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 sejtvonala 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 megismételődhetnek. Az STR-ekben az ismétlődések számának egyéni eltérései a PCR alkalmazásakor a keletkező fragmensek hosszának eltéréseihez vezetnek. A sejtvonalaakat több lókusztanban a fragmensek hosszának ezekkel az eltéréseivel profilozzuk.

### Sejtvonala-keverékek kimutatása

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