

Autenticazione di linee cellulari umane (Short Tandem Repeat (STR)) | 900154

Data la diffusione della contaminazione incrociata e dell'errata identificazione, l'autenticità delle cellule impiegate nei progetti di ricerca scientifica rappresenta una preoccupazione fondamentale. Si stima che circa il 15-20% di tutta la ricerca basata su linee cellulari utilizzi linee cellulari erroneamente identificate. Pertanto, determinare il profilo di una linea cellulare tramite l'analisi STR è fondamentale per condurre una ricerca affidabile e ripetibile. Inoltre, un numero crescente di riviste scientifiche richiede la verifica delle linee cellulari prima di accettare un articolo.

Il nostro servizio include

- Autenticazione delle linee cellulari
- Confronto con banche dati online
- Rapporto di analisi pronto per la pubblicazione

Facile da usare

- Si prega di scaricare il [Modulo d'ordine per l'autenticazione delle linee cellulari](#) e di allegare il foglio compilato e stampato alla spedizione dei campioni.
- Vi preghiamo di inviarci i campioni in una busta imbottita a temperatura ambiente.
- Per il gDNA, forniteci $\geq 50 \mu\text{l}$ di gDNA a $50 \text{ ng}/\mu\text{l}$ in Tris o EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- Per i pellet cellulari, fornirci 1,0-5,0 milioni di cellule sotto forma di pellet cellulare. Lavare due volte con PBS e risospendere in 0,5 ml di etanolo al 70-90%.

Marcatori

- Le cellule umane vengono tipizzate con il sistema PowerPlex di Promega utilizzando 16 marcatori STR.
- Le cellule di topo vengono tipizzate con 18 marcatori STR.
- Le cellule di ratto vengono tipizzate con 14 marcatori STR e un marcatore specifico per il sesso.
- Le cellule di cane vengono tipizzate con 11 marcatori STR.
- Le cellule di criceto vengono tipizzate con 10 marcatori STR.

Risultati

Riceverete i risultati entro 2 settimane via e-mail. I risultati includono il confronto dei dati con il database Cellosaurus. La linea cellulare sarà classificata come autenticata o erroneamente identificata.

Ripetizioni in tandem corte (STR)

Un motivo di DNA di 2-13 basi che si ripete fino a diverse centinaia di volte costituisce una ripetizione in tandem breve (STR). La variabilità individuale nel numero di ripetizioni in una STR porta a variazioni nella lunghezza dei frammenti prodotti quando si utilizza la PCR. Le linee cellulari vengono profilate utilizzando queste variazioni nella lunghezza dei frammenti in diversi loci.

Rilevamento di miscele di linee cellulari

È possibile identificare la contaminazione di una linea cellulare da parte di una o più linee cellulari aggiuntive fino a una frequenza del 10% della linea cellulare contaminante. Le combinazioni di linee cellulari forniscono tipicamente profili STR con tre o più picchi per uno o più loci.