

Kāmja šūnu līnijas autentiskuma noteikšana (īsie tandēm u atkārtojumi (STR)) | 900171

Ņemot vērā krusteniskās kontaminācijas un nepareizas identifikācijas izplatību, zinātniskās pētniecības projektos izmantoto šūnu autentiskums ir ļoti svarīgs jautājums. Tiek lēsts, ka aptuveni 15-20 % no visiem uz šūnu līnijām balstītiem pētījumiem tiek veikti, izmantojot nepareizi identificētas šūnu līnijas. Tāpēc šūnu līnijas profila noteikšana, izmantojot STR analīzi, ir ļoti svarīga, lai veiktu uzticamus un atkārtojamus pētījumus. Turklāt arvien vairāk žurnālu pieprasa šūnu līnijas pārbaudi pirms raksta pieņemšanas.

Mūsu pakalpojums ietver

- Šūnu līnijas autentificēšanu
- Salīdzinājumu ar tiešsaistes datubāzēm
- Publikācijai gatavu analīzes ziņojumu

Viegli lietojamu

- Lūdzu, lejupielādējiet [šūnu līnijas autentifikācijas pasūtījuma veidlapu](#) un pievienojiet aizpildītu un izdrukātu lapu savam paraugu sūtījumam.
- Lūdzu, nosūtiet mums paraugus polsterētā aploksnē istabas temperatūrā.
- Attiecībā uz gDNS, lūdzu, iesniedziet mums $\geq 50 \mu\text{l}$ 50ng/ μl gDNS Tris vai EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- Šūnu granulām, lūdzu, sagādājiet mums 1,0-5,0 miljonus šūnu kā šūnu granulas. Lūdzu, divas reizes izskalojiet ar PBS un atkārtoti suspendējiet 0,5 ml 70-90 % etanola.

Marķieri

- Cilvēka šūnas tipizē ar Promega PowerPlex sistēmu, izmantojot 16 STR marķierus.
- Peles šūnas tipizē ar 18 STR marķieriem.
- Žurku šūnas tipizē ar 14 STR marķieriem un vienu dzimumam specifisku marķieri.
- Suņu šūnas tipizē ar 11 STR marķieriem.
- Kāmja šūnas tipizē ar 10 STR marķieriem.

Rezultāti

Rezultātus saņemsiet 2 nedēļu laikā pa e-pastu. Rezultāti ietver datu salīdzinājumu ar Cellosaurus datubāzi. Šūnu līnija tiks klasificēta kā autentificēta vai nepareizi identificēta.

Īsie tandēmu atkārtojumi (STR)

DNS motīvs no 2-13 bāzēm, kas atkārtojas līdz pat vairākiem simtiem reižu, veido īsu tandēmu atkārtojumu (STR). Individuāla atkārtojumu skaita dažādība STR rada atšķirības iegūto fragmentu garumā, izmantojot PCR. Šūnu līnijas tiek profilētas, izmantojot šīs fragmentu garuma variācijas vairākos lokusus.

Šūnu līniju maisījumu noteikšana

Ir iespējams noteikt vienas šūnu līnijas piesārņojumu ar vienu vai vairākām papildu šūnu līnijām līdz pat 10 % piesārņojošās šūnu līnijas biežumam. Šūnu līniju kombinācijas parasti nodrošina STR profilus ar trim vai vairāk pīķiem vienam vai vairākiem lokusiem.