

# Suņu (suņu) šūnu līnijas autentiskuma noteikšana (īsie tandēmu atkārtojumi (STR)) | 900170

Ņemot vērā krusteniskās kontaminācijas un nepareizas identifikācijas izplatību, zinātniskajos pētniecības projektos izmantoto šūnu autentiskums ir būtiska problēma. Tiek lēsts, ka aptuveni 15–20 % no visiem pētījumiem, kuros izmanto šūnu līnijas, tiek veikti ar nepareizi identificētām šūnu līnijām. Tāpēc šūnu līnijas profila noteikšana, izmantojot STR analīzi, ir būtiska, lai veiktu uzticamus un atkārtojamus pētījumus. Turklāt arvien vairāk zinātnisko žurnālu pirms raksta publicēšanas prasa šūnu līnijas verifikāciju.

## Mūsu pakalpojums ietver

- Šūnu līniju autentifikāciju
- Salīdzinājumu ar tiešsaistes datu bāzēm
- Publikācijai gatavs analīzes ziņojums

## Viegli lietojams

- Lūdzu, lejupielādējiet [šūnu līnijas autentifikācijas pasūtījuma veidlapu](#) un pievienojiet aizpildīto un izdrukāto lapu savai paraugu sūtījumam.
- Lūdzu, nosūtiet mums paraugus polsterētā aploksnē istabas temperatūrā.
- Attiecībā uz gDNA lūdzu nodrošiniet mums  $\geq 50 \mu\text{l}$  50 ng/ $\mu\text{l}$  gDNA Tris vai EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- Šūnu nogulsnēm lūdzu nodrošiniet mums 1,0–5,0 miljonus šūnu kā šūnu nogulsnes. Lūdzu, divreiz 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.
- Hamstera šūnas tipizē ar 10 STR marķieriem.

## Rezultāti

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

## Īsas tandēma atkārtojumu sekvenses (STR)

Īsu tandēma atkārtojumu (STR) veido 2–13 bāzu DNS motīvs, kas atkārtojas līdz pat vairākiem simtiem reižu. Individuālās atšķirības STR atkārtojumu skaitā rada variācijas iegūto fragmentu garumā, izmantojot PCR. Šūnu līnijas tiek profilētas, izmantojot šīs variācijas fragmentu garumos vairākās lokusās.

## Šūnu līniju maisījumu noteikšana

Ir iespējams identificēt vienas šūnu līnijas piesārņojumu ar vienu vai vairākām papildu šūnu līnijām, sākot no 10 % piesārņojošās šūnu līnijas biežuma. Šūnu līniju kombinācijas parasti nodrošina STR profilus ar trim vai vairāk pīķiem vienā vai vairākās lokusās.