

Verificatie van rattencellijnen (korte tandem herhaling (STR)) | 900172

Gezien de veelvoorkomende kruisbesmetting en verkeerde identificatie is de authenticiteit van cellen die in wetenschappelijke onderzoeksprojecten worden gebruikt een belangrijk punt van zorg. Naar schatting wordt bij ongeveer 15-20% van al het onderzoek op basis van cellijnen gewerkt met verkeerd geïdentificeerde cellijnen. Daarom is het bepalen van het profiel van een cellijn met behulp van STR-analyse van cruciaal belang voor het uitvoeren van betrouwbaar en herhaalbaar onderzoek. Bovendien eisen steeds meer tijdschriften dat cellijnen worden geverifieerd voordat een artikel wordt geaccepteerd.

Onze dienst omvat

- Authenticatie van cellijnen
- Vergelijking met online databases
- Publicatieklaar analyserapport

Gebruiksvriendelijk

- Download het [bestelformulier voor celauthenticatie](#) en voeg het ingevulde en afgedrukte formulier toe aan uw monsterzending.
- Stuur de monsters bij kamertemperatuur in een gewatteerde envelop naar ons op.
- Voor gDNA dient u ons $\geq 50 \mu\text{l}$ van $50 \text{ ng}/\mu\text{l}$ gDNA in Tris of EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA) te verstrekken.
- Voor celpellets vragen wij u ons 1,0-5,0 miljoen cellen als celpellet te verstrekken. Was deze alstublieft tweemaal met PBS en resuspendeer in 0,5 ml 70-90% ethanol.

Markers

- Menselijke cellen worden getypeerd met het PowerPlex-systeem van Promega met behulp van 16 STR-markers.
- Muizencellen worden getypeerd met 18 STR-markers.
- Rattencellen worden getypeerd met 14 STR-markers en één geslachtsspecifieke marker.
- Hondencellen worden getypeerd met 11 STR-markers.
- Hamstercellen worden getypeerd met 10 STR-markers.

Resultaten

U ontvangt de resultaten binnen 2 weken per e-mail. De resultaten omvatten de vergelijking van de gegevens met de Cellosaurus-database. De cellijn wordt geclassificeerd als geauthenticeerd of verkeerd geïdentificeerd.

Short Tandem Repeats (STR's)

Een DNA-motief van 2-13 basen dat tot enkele honderden keren wordt herhaald, vormt een short tandem repeat (STR). Individuele variabiliteit in het aantal herhalingen in een STR leidt tot variaties in de lengte van de geproduceerde fragmenten bij het gebruik van PCR. De cellijnen worden geprofileerd aan de hand van deze variaties in fragmentlengtes op verschillende loci.

Detectie van mengsels van cellijnen

Het is mogelijk om besmetting van één cellijn door één of meer andere cellijnen te identificeren tot een frequentie van 10% van de besmettende cellijn. Combinaties van cellijnen leveren doorgaans STR-profielen op met drie of meer pieken voor één of meerdere loci.