

# Autentisering av museceller (Short Tandem Repeat (STR))

| 900654

Med tanke på forekomsten av krysskontaminering og feilidentifisering er ektheten til cellene som brukes i vitenskapelige forskningsprosjekter, et stort problem. Det anslås at 15-20 % av all cellelinjebasert forskning utføres med feilidentifiserte cellelinjer. Derfor er det avgjørende å bestemme en cellelinjes profil ved hjelp av STR-analyse for å kunne utføre pålitelig og repeterbar forskning. I tillegg krever stadig flere tidsskrifter at cellelinjen verifiseres før de aksepterer en artikkel.

## Tjenesten vår inkluderer

- Autentisering av cellelinjer
- Sammenligning med nettbaserte databaser
- Publiseringssklar analyserapport

## Enkel å bruke

- Last ned [bestillingsskjemaet for autentisering](#) av cellelinjer, og legg det utfylte og utskrevne arket ved prøveforsendelsen.
- Send oss prøvene i en polstret konvolutt i romtemperatur.
- For gDNA, vennligst send oss  $\geq 50 \mu\text{l}$  av  $50 \text{ ng}/\mu\text{l}$  gDNA i Tris eller EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- For cellepellets, vennligst gi oss 1,0-5,0 millioner celler som en cellepellet. Vask to ganger med PBS og resuspender i 0,5 ml 70-90 % etanol.

## Markører

- Humane celler types med PowerPlex System fra Promega ved hjelp av 16 STR-markører.
- Museceller er typet med 18 STR-markører.
- Rottceller er typet med 14 STR-markører og én kjønnsespesifikk markør.
- Hundeceller er typet med 11 STR-markører.
- Hamsterceller er typet med 10 STR-markører.

## Resultater

Du vil få resultatene innen 2 uker per e-post. Resultatene inkluderer en sammenligning av dataene med Cellosaurus-databasen. Cellelinjen vil bli klassifisert som autentisert eller feilidentifisert.

## Korte tandemgjentakelser (STR)

Et DNA-motiv på 2-13 baser som gjentas opptil flere hundre ganger, utgjør en kort tandemrepetisjon (STR). Individuell variasjon i antall repetisjoner i en STR fører til variasjoner i lengden på de produserte fragmentene ved bruk av PCR. Cellelinjene profileres ved hjelp av disse variasjonene i fragmentlengder ved flere loci.

## Deteksjon av blandinger av cellelinjer

Det er mulig å identifisere kontaminering av en cellelinje med en eller flere andre cellelinjer ned til en frekvens på 10 % av den kontaminerende cellelinjen. Cellelinjekombinasjoner gir vanligvis STR-profiler med tre eller flere topper for en enkelt eller flere loci.