

# Autentisering av humane cellelinjer (Short Tandem Repeat (STR)) | 900154

Med tanke på hvor utbredt krysskontaminering og feilidentifisering er, er ektheten til cellene som brukes i vitenskapelige forskningsprosjekter et stort problem. Det anslås at rundt 15–20 % av all forskning basert på cellelinjer foregår med feilidentifiserte cellelinjer. Derfor er det avgjørende å fastslå en cellelinjes profil ved hjelp av STR-analyse for å kunne gjennomføre pålitelig og repeterbar forskning. I tillegg krever et økende antall tidsskrifter verifisering av cellelinjer før de godtar en artikkel.

## Vår tjeneste inkluderer

- Autentisering av cellelinjer
- Sammenligning med online databaser
- Publikasjonsklar analyserapport

## Enkel å bruke

- Last ned bestillingsskjemaet [for autentisering av cellelinjer](#), og legg det utfylte og utskrevne arket ved prøveforsendelsen.
- Vennligst send oss prøvene i en polstret konvolutt ved romtemperatur.
- For gDNA må du gi 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. Vennligst vask to ganger med PBS og resuspender i 0,5 ml 70–90 % etanol.

## Markører

- Menneskelige celler typebestemmes med PowerPlex-systemet fra Promega ved bruk av 16 STR-markører.
- Museceller typebestemmes med 18 STR-markører.
- Rotteceller typebestemmes med 14 STR-markører og én kjønns spesifikk markør.
- Hundeceller typebestemmes med 11 STR-markører.
- Hamsterceller typebestemmes med 10 STR-markører.

## Resultater

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

## Korte tandemrepetisjoner (STR)

Et DNA-motiv på 2–13 baser som gjentas opptil flere hundre ganger, utgjør en kort tandemrepetering (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 på flere loci.

## Påvisning av blandinger av cellelinjer

Det er mulig å identifisere forurensning av en cellelinje med en eller flere andre cellelinjer ned til en frekvens på 10 % av den forurensende cellelinjen. Kombinasjoner av cellelinjer gir typisk STR-profiler med tre eller flere topper for ett eller flere loci.