

## Uwierzytelnianie mysich linii komórkowych (krótkie powtórzenia tandemowe (STR)) | 900654

Biorąc pod uwagę powszechność zanieczyszczeń krzyżowych i błędnej identyfikacji, autentyczność komórek wykorzystywanych w projektach badawczych stanowi poważny problem. Szacuje się, że około 15–20% wszystkich badań opartych na liniach komórkowych wykorzystuje błędnie zidentyfikowane linie komórkowe. Dlatego też określenie profilu linii komórkowej za pomocą analizy STR ma kluczowe znaczenie dla prowadzenia wiarygodnych i powtarzalnych badań. Ponadto coraz więcej czasopism wymaga weryfikacji linii komórkowej przed przyjęciem artykułu do publikacji.

### Nasza usługa obejmuje

- Uwierzytelnianie linii komórkowych
- Porównanie z internetowymi bazami danych
- Raport z analizy gotowy do publikacji

### Łatwa w użyciu

- Prosimy o pobranie [formularza zamówienia na weryfikację linii komórkowej](#) oraz dołączenie wypełnionego i wydrukowanego arkusza do przesyłki z próbkami.
- Prześlij nam próbki w kopercie wyściełanej w temperaturze pokojowej.
- W przypadku gDNA prosimy o dostarczenie  $\geq 50 \mu\text{l}$  gDNA o stężeniu  $50 \text{ ng}/\mu\text{l}$  w roztworze Tris lub EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- W przypadku osadów komórkowych prosimy o dostarczenie 1,0–5,0 mln komórek w postaci osadu komórkowego. Prosimy o dwukrotne przemycie PBS i zawieszenie w 0,5 ml 70–90% etanolu.

### Markery

- Komórki ludzkie są typowane za pomocą systemu PowerPlex firmy Promega z wykorzystaniem 16 markerów STR.
- Komórki mysie są typowane przy użyciu 18 markerów STR.
- Komórki szczurze są typowane przy użyciu 14 markerów STR i jednego markera specyficznego dla płci.
- Komórki psów są typowane przy użyciu 11 markerów STR.
- Komórki chomika są typowane przy użyciu 10 markerów STR.

### Wyniki

Wyniki otrzymasz w ciągu 2 tygodni pocztą elektroniczną. Wyniki obejmują porównanie danych z bazą danych Cellosaurus. Linia komórkowa zostanie sklasyfikowana jako autentyczna lub błędnie zidentyfikowana.

### Krótkie powtórzenia tandemowe (STR)

Krótki powtórny sekwencja (STR) to motyw DNA składający się z 2–13 zasad, który powtarza się nawet kilkaset razy. Indywidualna zmienność liczby powtórzeń w sekwencji STR prowadzi do różnic w długości fragmentów powstających podczas stosowania PCR. Linie komórkowe są profilowane przy użyciu tych różnic w długościach fragmentów w kilku loci.

### Wykrywanie mieszanek linii komórkowych

Możliwe jest zidentyfikowanie zanieczyszczenia jednej linii komórkowej przez jedną lub więcej dodatkowych linii komórkowych przy częstotliwości zanieczyszczenia wynoszącej nawet 10%. Kombinacje linii komórkowych zazwyczaj dają profile STR z trzema lub więcej pikami dla jednego lub kilku loci.