

Autenticação de linhas celulares de cães (caninos) (repetições curtas em tandem (STR)) | 900170

Dada a prevalência de contaminação cruzada e identificação errada, a autenticidade das células utilizadas em projetos de investigação científica constitui uma grande preocupação. Estima-se que cerca de 15 a 20 % de toda a investigação baseada em linhas celulares seja realizada com linhas celulares identificadas incorretamente. Por conseguinte, determinar o perfil de uma linha celular através da análise STR é crucial para a realização de investigação fiável e repetível. Além disso, um número crescente de revistas científicas exige a verificação das linhas celulares antes de aceitar um artigo.

O nosso serviço inclui

- Autenticação de linhas celulares
- Comparação com bases de dados online
- Relatório de análise pronto para publicação

Fácil de utilizar

- Por favor, descarregue o [Formulário de Encomenda de Autenticação de Linhas Celulares](#) e junte a folha preenchida e impressa ao envio das suas amostras.
- Envie-nos as amostras num envelope acolchoado à temperatura ambiente.
- No caso do gDNA, forneça-nos $\geq 50 \mu\text{l}$ de gDNA a $50 \text{ ng}/\mu\text{l}$ em Tris ou EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- No caso de sedimentos celulares, forneça-nos 1,0 a 5,0 milhões de células sob a forma de sedimento celular. Lave duas vezes com PBS e ressuspensão em 0,5 ml de etanol a 70-90%.

Marcadores

- As células humanas são tipadas com o sistema PowerPlex da Promega, utilizando 16 marcadores STR.
- As células de ratinho são tipadas com 18 marcadores STR.
- As células de rato são tipificadas com 14 marcadores STR e um marcador específico de sexo.
- As células de cão são tipificadas com 11 marcadores STR.
- As células de hamster são tipificadas com 10 marcadores STR.

Resultados

Receberá os resultados por e-mail no prazo de 2 semanas. Os resultados incluem a comparação dos dados com a base de dados Cellosaurus. A linha celular será classificada como autenticada ou mal identificada.

Repetições em Tandem Curtas (STRs)

Um motivo de ADN de 2 a 13 bases, repetido até várias centenas de vezes, constitui uma repetição em tandem curta (STR). A variabilidade individual no número de repetições numa STR conduz a variações no comprimento dos fragmentos produzidos quando se recorre à PCR. As linhas celulares são caracterizadas utilizando estas variações nos comprimentos dos fragmentos em vários loci.

Deteção de misturas de linhas celulares

É possível identificar a contaminação de uma linha celular por uma ou mais linhas celulares adicionais, mesmo com uma frequência de apenas 10% da linha celular contaminante. As combinações de linhas celulares proporcionam normalmente perfis de STR com três ou mais picos para um único ou vários loci.