

Autentisering av hamstercellinje (kort tandemrepetition (STR)) | 900171

Med tanke på förekomsten av korskontaminering och felidentifiering är äktheten hos de celler som används i vetenskapliga forskningsprojekt ett stort problem. Det uppskattas att cirka 15-20% av all cellinjebaserad forskning sker med felidentifierade cellinjer. Att fastställa en cellinjes profil med hjälp av STR-analys är därför avgörande för att kunna utföra tillförlitlig och repeterbar forskning. Dessutom kräver ett växande antal tidskrifter cellinjeverifiering innan de accepterar en artikel.

Vår tjänst omfattar

- Autentisering av cellinje
- Jämförelse med onlinedatabaser
- Publiceringsfärdig analysrapport

Lätt att använda

- Ladda ner [beställningsformuläret för cellinjeautentisering](#) och lägg till det ifyllda och utskrivna bladet i din provförsändelse.
- Skicka proverna till oss i ett vadderat kuvert i rumstemperatur.
- För gDNA ska du skicka 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).
- För cellpellets, vänligen förse oss med 1,0-5,0 miljoner celler som en cellpellet. Tvätta två gånger med PBS och resuspendera i 0,5 ml 70-90% etanol.

Markörer

- Humana celler typas med PowerPlex System från Promega med hjälp av 16 STR-markörer.
- Musceller typas med 18 STR-markörer.
- Råttceller typas med 14 STR-markörer och en könsspecifik markör.
- Hundceller är typade med 11 STR-markörer.
- Hamsterceller är typade med 10 STR-markörer.

Resultat

Du kommer att få resultaten inom 2 veckor per e-post. Resultaten inkluderar jämförelsen av data med Cellosaurus-databasen. Cellinjen kommer att klassificeras som autentiserad eller felidentifierad.

Korta tandemrepetitioner (STR)

Ett DNA-motiv med 2-13 baser som upprepas upp till flera hundra gånger utgör en kort tandemrepetition (STR). Individuell variation i antalet repetitioner i en STR leder till variationer i längden på de fragment som produceras vid PCR. Cellinjerna profileras med hjälp av dessa variationer i fragmentlängder vid flera loci.

Detektion av blandningar av cellinjer

Det är möjligt att identifiera kontaminering av en cellinje med en eller flera ytterligare cellinjer ned till en frekvens på 10% av den kontaminerande cellinjen. Kombinationer av cellinjer ger vanligen STR-profiler med tre eller fler toppar för en enda eller flera loci.