Product sheet

Autentisering av human cellinje (kort tandemrepetition (STR)) | 900154

Med tanke på hur vanligt det är med korskontaminering och felidentifiering är äktheten hos de celler som används i vetenskapliga forskningsprojekt en viktig fråga. Man uppskattar att cirka 15–20 % av all forskning som baseras på cellinjer utförs med felidentifierade cellinjer. Därför är det avgörande att fastställa en cellinjes profil med hjälp av STR-analys för att kunna bedriva tillförlitlig och repeterbar forskning. Dessutom kräver ett växande antal tidskrifter verifiering av cellinjer innan de accepterar en artikel.

Vår tjänst omfattar

- Autentisering av cellinjer
- Jämförelse med onlinedatabaser
- Analysrapport redo för publicering

Enkel att använda

- Ladda ner **beställningsformuläret för autentisering av cellinjer** och bifoga det ifyllda och utskrivna formuläret till din provförsändelse.
- Skicka proverna till oss i ett vadderat kuvert vid rumstemperatur.
- För gDNA ber vi dig skicka ≥ 50 µl av 50 ng/µl gDNA i Tris eller EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- För cellpellets, skicka 1,0–5,0 miljoner celler som en cellpellet. Tvätta två gånger med PBS och resuspendera i 0,5 ml 70–90 % etanol.

Markörer

- Mänskliga celler typbestäms med PowerPlex-systemet från Promega med hjälp av 16 STR-markörer.
- Musceller typbestäms med 18 STR-markörer.
- Råttceller typbestäms med 14 STR-markörer och en könsspecifik markör.
- Hundceller typbestäms med 11 STR-markörer.
- Hamsterceller typbestäms med 10 STR-markörer.

Resultat

Du får resultaten inom två veckor via e-post. Resultaten inkluderar en jämförelse av data med Cellosaurus-databasen. Cellinjen klassificeras som autentiserad eller felidentifierad.

Korta tandemupprepningar (STR)

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

Detektion av cellinjeblandningar

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 vanligtvis STR-profiler med tre eller fler toppar för en eller flera loci.