

Preverjanje pristnosti celične linije hrčka (kratki tandemski repetitivi (STR)) | 900171

Zaradi razširjenosti navzkrižne kontaminacije in napačne identifikacije je pristnost celic, ki se uporabljajo v znanstvenoraziskovalnih projektih, zelo zaskrbljujoča. Ocenjuje se, da približno 15-20 % vseh raziskav, ki temeljijo na celičnih linijah, poteka z napačno identificiranimi celičnimi linijami. Zato je določanje profila celične linije z analizo STR ključnega pomena za izvajanje zanesljivih in ponovljivih raziskav. Poleg tega vse več revij zahteva preverjanje celičnih linij, preden sprejmejo članek.

Naša storitev vključuje

- Preverjanje pristnosti celične linije
- Primerjavo s spletnimi podatkovnimi zbirkami
- Poročilo o analizi, pripravljeno za objavo

Enostavno uporabo spletne strani

- Prenesite [obrazec za naročilo avtentikacije celičnih linij](#) in izpolnjen ter natisnjen list priložite pošiljki vzorcev.
- Vzorce nam pošljite v oblaženi ovojnici na sobni temperaturi.
- Za gDNA nam pošljite $\geq 50 \mu\text{l}$ 50ng/ μl gDNA v Trisu ali EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- Za celične pelete nam zagotovite 1,0-5,0 milijona celic kot celični pelet. Dvakrat sperite s PBS in ponovno suspendirajte v 0,5 ml 70-90 % etanola.

Markerji

- Človeške celice so tipizirane s sistemom PowerPlex podjetja Promega z uporabo 16 markerjev STR.
- Mišje celice so tipizirane z 18 označevalci STR.
- Podganje celice so tipizirane s 14 označevalci STR in enim spolno specifičnim označevalcem.
- Pasje celice so tipizirane z 11 označevalci STR.
- Celice hrčka so tipizirane z 10 označevalci STR.

Rezultati

Rezultate boste prejeli v 2 tednih po elektronski pošti. Rezultati vključujejo primerjavo podatkov s podatkovno bazo Cellosaurus. Celična linija bo razvrščena kot avtentična ali napačno določena.

Kratke tandemske ponovitve (STR)

Motiv DNK, sestavljen iz 2-13 baz, ki se ponovi do več sto krat, je kratka tandemska ponovitev (STR). Posamezna variabilnost v številu ponovitev v STR vodi do razlik v dolžini proizvedenih fragmentov pri uporabi PCR. Celične linije se profilirajo z uporabo teh variacij v dolžini fragmentov na več lokusih.

Odkrivanje mešanic celičnih linij

Kontaminacijo ene celične linije z eno ali več dodatnimi celičnimi linijami je mogoče ugotoviti do 10-odstotne frekvence kontaminirane celične linije. Kombinacije celičnih linij običajno zagotavljajo profile STR s tremi ali več vrhovi za en ali več lokusov.