

Preverjanje pristnosti celičnih linij podgan (kratki tandemski repetitivi (STR)) | 900172

Glede na pogostost navzkrižne kontaminacije in napačne identifikacije je verodostojnost celic, uporabljenih v znanstvenih raziskovalnih projektih, zelo pomembna. Ocenjuje se, da se pri približno 15–20 % vseh raziskav, ki temeljijo na celičnih linijah, uporabljajo napačno identificirane celične linije. Zato je določitev profila celične linije z uporabo STR-analize ključnega pomena za izvajanje zanesljivih in ponovljivih raziskav. Poleg tega vse več znanstvenih revij zahteva preverjanje celičnih linij pred objavo članka.

Naše storitve vključujejo

- Preverjanje pristnosti celičnih linij
- Primerjavo z spletnimi bazami podatkov
- Analitično poročilo, pripravljeno za objavo

Enostavna uporaba

- Prosimo, prenesite [obrazec za naročilo avtentifikacije celične linije](#) ter izpolnjen in natisnjen list priložite pošiljki vzorcev.
- Vzorce nam pošljite v oblazinjeni ovojnici pri sobni temperaturi.
- Za gDNA nam prosim priskrbite $\geq 50 \mu\text{l}$ 50 ng/ μl gDNA v Tris ali EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- Za celične pelete nam prosim priskrbite 1,0–5,0 milijonov celic v obliki celičnega peleta. Prosim, dvakrat sperite s PBS in ponovno suspendirajte v 0,5 ml 70–90 % etanola.

Markerji

- Človeške celice se tipizirajo s sistemom PowerPlex podjetja Promega z uporabo 16 STR-markerjev.
- Mišje celice se tipizirajo z 18 STR-markerji.
- Celice podgan se tipizirajo s 14 STR-markerji in enim spolnim markerjem.
- Psje celice se tipizirajo z 11 STR-markerji.
- Celice hrčka se tipizirajo z 10 STR-markerji.

Rezultati

Rezultate boste prejeli v roku 2 tednov po e-pošti. Rezultati vključujejo primerjavo podatkov z bazo podatkov Cellosaurus. Celična linija bo razvrščena kot avtentificirana ali napačno identificirana.

Kratki tandemski ponovitvi (STR)

Kratki tandemski ponovitvi (STR) sestavljajo DNA-motivi z 2–13 bazami, ki se ponavljajo do več sto krat. Posamezna variabilnost v številu ponovitev v STR vodi do variacij 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

Mogoče je identificirati kontaminacijo ene celične linije z eno ali več dodatnimi celičnimi linijami do 10-odstotne pogostosti kontaminirane celične linije. Kombinacije celičnih linij običajno zagotavljajo STR-profile s tremi ali več vrhovi za eno ali več lokusov.