

Xác thực dòng tế bào chó (Canine) bằng phương pháp Short Tandem Repeat (STR) | 900170

Do tình trạng ô nhiễm chéo và xác định sai dòng tế bào diễn ra phổ biến, tính xác thực của các dòng tế bào được sử dụng trong các dự án nghiên cứu khoa học là một vấn đề đáng quan ngại. Ước tính có khoảng 15–20% tổng số nghiên cứu dựa trên dòng tế bào đang sử dụng các dòng tế bào bị xác định sai. Do đó, việc xác định đặc điểm của dòng tế bào bằng phân tích STR là rất quan trọng để thực hiện các nghiên cứu đáng tin cậy và có thể lặp lại. Ngoài ra, ngày càng có nhiều tạp chí yêu cầu xác minh dòng tế bào trước khi chấp nhận bài báo.

Dịch vụ của chúng tôi bao gồm

- Xác thực dòng tế bào
- So sánh với các cơ sở dữ liệu trực tuyến
- Báo cáo phân tích sẵn sàng để công bố

Dễ sử dụng

- Vui lòng tải xuống Mẫu [đơn đặt hàng Xác thực dòng tế bào](#) và đính kèm bản đã điền đầy đủ thông tin và in ra vào lô mẫu gửi của quý khách.
- Vui lòng gửi mẫu cho chúng tôi trong phong bì có lớp đệm ở nhiệt độ phòng.
- Đối với gDNA, vui lòng cung cấp cho chúng tôi $\geq 50 \mu\text{l}$ gDNA nồng độ 50 ng/ μl trong dung dịch Tris hoặc EDTA (10 mM Tris, 0,1 mM EDTA).
- Đối với Cell Pellets, vui lòng cung cấp cho chúng tôi 1,0-5,0 triệu tế bào dưới dạng cell pellet. Vui lòng rửa hai lần bằng PBS và tái hòa tan trong 0,5 ml ethanol 70-90%.

Các dấu hiệu

- Tế bào người được phân loại bằng Hệ thống PowerPlex của Promega sử dụng 16 dấu hiệu STR.
- Tế bào chuột được phân loại bằng 18 dấu hiệu STR.
- Tế bào chuột cống được phân loại bằng 14 dấu hiệu STR và một dấu hiệu đặc trưng theo giới tính.
- Tế bào chó được xác định kiểu gen bằng 11 dấu hiệu STR.
- Tế bào chuột hamster được phân loại bằng 10 dấu hiệu STR.

Kết quả

Quý khách sẽ nhận được kết quả qua email trong vòng 2 tuần. Kết quả bao gồm việc so sánh dữ liệu với cơ sở dữ liệu Cellosaurus. Dòng tế bào sẽ được phân loại là đã được xác thực hoặc xác định sai.

Lặp lại ngắn liên tiếp (STR)

Một mô-típ DNA gồm 2-13 bazơ được lặp lại tới vài trăm lần tạo thành một đoạn lặp ngắn (STR). Sự khác biệt về số lần lặp lại trong một STR giữa các cá thể dẫn đến sự khác biệt về độ dài của các đoạn được tạo ra khi sử dụng PCR. Các dòng tế bào được phân tích dựa trên những sự khác biệt về độ dài đoạn tại một số vị trí.

Phát hiện hỗn hợp dòng tế bào

Có thể xác định sự nhiễm bẩn của một dòng tế bào bởi một hoặc nhiều dòng tế bào khác với tần suất thấp nhất là 10% của dòng tế bào gây nhiễm bẩn. Các kết hợp dòng tế bào thường cho ra các hồ sơ STR có ba đỉnh trở lên tại một hoặc nhiều vị trí gen.