

Xác thực dòng tế bào chuột (Short Tandem Repeat (STR)) | 900654

Do sự phổ biến của việc nhiễm chéo và nhầm lẫn trong xác định, tính xác thực của các dòng tế bào được sử dụng trong các dự án nghiên cứu khoa học là một vấn đề quan trọng. Ước tính khoảng 15-20% tất cả các nghiên cứu dựa trên dòng tế bào đang sử dụng các dòng tế bào bị nhầm lẫn. Do đó, việc xác định hồ sơ của một dòng tế bào bằng phân tích STR là điều cần thiết 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 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 và in vào gói mẫu của bạn.
- Vui lòng gửi mẫu cho chúng tôi trong bao bì có 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 Tris hoặc EDTA (10 mM Tris, 0.1 mM EDTA).
- Đối với tế bào dạng pellet, vui lòng cung cấp cho chúng tôi 1,0-5,0 triệu tế bào dưới dạng pellet. Vui lòng rửa hai lần bằng PBS và hòa tan trong 0,5 ml ethanol 70-90%.

Marker

- 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 được phân loại bằng 14 dấu hiệu STR và một dấu hiệu đặc hiệu giới tính.
- Tế bào chó được phân loại bằng 11 dấu hiệu STR.
- Tế bào chuột hamster được phân loại bằng 10 dấu hiệu STR.

Kết quả

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

Lặp lại tandem ngắn (STR)

Một mô hình DNA gồm 2-13 nucleotit lặp lại lên đến hàng trăm lần tạo thành một lặp lại ngắn liên tiếp (STR). Sự biến đổi cá nhân về số lần lặp lại trong một STR dẫn đến sự biến đổi về độ dài của các đoạn DNA được tạo ra khi sử dụng PCR. Các dòng tế bào được phân tích dựa trên sự biến đổi về độ dài của các đoạn DNA tại nhiều vị trí khác nhau.

Phát hiện sự pha trộn của các 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 nhiễm bẩn xuống đến 10%. Các kết hợp dòng tế bào thường cung cấp các hồ sơ STR với ba hoặc nhiều đỉnh cho một hoặc nhiều vị trí.