

细胞检定报告

(2025 年第二版)

样本信息: HEK293-20260205

检测机构: 中美冠科生物技术有限公司

客户名称: 南京科佰生物科技有限公司

检验员: 宋珍珍

联系方式: tech@cobioer.com

联系方式: zhaotianjiao@cobioer.com



目录

1.检测项目	1
2.检测依据	1
3.检测方法	1
4.检测结果总览	2
5.具体结果	3
5.1 人源细胞鉴别--SNP 法	3
5.2 人源细胞鉴别--STR 法	4
5.3 人源细胞污染（异质性）	6
5.4 人源细胞污染识别	7
5.5 小鼠细胞污染	8
5.6 小鼠细胞识别	9
5.7 支原体检测	11
5.8 微生物感染筛查	12
5.9 性别鉴定	16
5.10 人种基因混合比例检测	17
6.引用文献	18



1.检测项目

- 细胞鉴别---通过与参考细胞系 SNP 数据库匹配
- 常规 21 位点 STR 鉴定
- 人-人/鼠-鼠种内污染定量分析
- 人-鼠种间污染定量分析
- 样本遗传异质性定量分析
- 样本污染检测与污染物鉴定（如果污染物已存在于参考细胞系数据库）
- 小鼠同系模型鉴定（如适用）
- 小鼠品系（如适用）
- 内源、外源病毒感染检测
- 支原体污染检测
- 人类样本的性别鉴定
- 人类样本的遗传混合分析

2.检测依据

2025 年版《中华人民共和国药典》三部生物制品通则规定，对细胞基质的检定项目包含细胞鉴别、细菌真菌检查、分支杆菌检查、支原体检查、螺原体检查、内源外源病毒污染检查、成瘤性检查、致瘤性检查、稳定性检查等。同时高通量测序（NGS）技术已被纳入，可用于检测支原体、细胞鉴定以及病毒检测。

3.检测方法

通过二代测序 NGS-Panel 检测手段，对 600 多个 SNP（单核苷酸多态性）和染色体片段进行深度测序，覆盖率达 3000 倍，使用 SNP 身份信息 and 频率信息通过统计学对样本进行分析，与参考细胞系数据库匹配比对，可识别低于 1% 的交叉污染以及鉴定出污染

细胞系身份。在细胞身份鉴定的基础上，增加了常规 STR 位点，同时引入常见病毒污染检测、支原体污染检测、人类样本性别检测、人类样本遗传血统分析。

4.检测结果总览

检测项目	检测结果	备注
人源细胞鉴别 (SNP)	293	最高匹配 293 细胞，相似度 205/213=96.24%
人源细胞鉴别 (STR)	HEK293	最高匹配 HEK293 细胞,9 位点相似度 18/18=100.00%
人源细胞污染(异质性)	低 (Low)	细胞群体遗传背景均一，无明显亚群混杂
人源细胞污染识别	NA	样本中未检测到其他人源细胞污染
小鼠细胞污染 (Mouse Ratio)	0%	样本中未检测到小鼠 DNA 污染
小鼠细胞识别	NA	样本中未检测到小鼠细胞
支原体检测 (Mycoplasma)	未检出	未检测到支原体污染
微生物感染筛查	未检出	筛查了 107 种病毒，均未发现感染
性别鉴定 (Gender)	女性 (Female)	3 个 Y 染色体 SNP 读取深度之和大于 1000，判定为男性；小于 300，判定为女性；小于 1000 且大于 300，则不判读性别
人种基因混合比例检测 (CEU:CHB:YRI)	:-:-	Han Chinese (CHB), Nigeria Yoruba (YRI), and Utah residents with Northern and Western European ancestry from the CEPH collection (CEU)

5. 具体结果

5.1 人源细胞鉴别--SNP 法

参考细胞系	匹配位点数	不匹配位点数	总位点数	基因型相似度
293	205	8	213	0.9624
293T	182	24	206	0.8835
293T17	188	25	213	0.8835
COV318	112	92	204	0.5490

经过于数据库参考细胞系比对，样本 HEK293-20260205 与 293 细胞匹配度最高，为 96.24%。

判断依据：通过 >200 个 SNP 位点计算基因型相似度，相同样本相似度 >90%，无亲缘关系的样本基因相似度 <50%。若两个样本存在亲缘关系（例如源自同一亲本样本），其基因型相似度可从约 80% 至接近 100% 不等，具体取决于遗传差异程度。

5.2 人源细胞鉴别--STR 法

STR 位点	Test sample	HEK293(CVCL_0045)	HEK293T(CVCL_0063)	HEK293FRT(CVCL_D4C4)
CSF1PO	11,12	11,12	11,12	12
D13S317	12,14	12(JCRB);12,14(ATCC)	12(ECACC);12,14(ATCC)	12,14
D16S539	9,13	9(DSMZ);9,13(ATCC)	9,13	9,13
D5S818	8,9	8,9	8,9	8
D7S820	11,12	11(PubMed);11,12(ATCC)	11	11,12
TH01	7,9.3	7,9.3	7,9.3	7,9.3
TPOX	11	11	11	11
VWA	16,19	16,19	16,19	16,19
AMEL	X,X	X,X	X,X	X,X
D10S1248	14	NA	14	14
D12S391	19,21	11,15	19,21	19,21
D18S51	17,18,16	17(PubMed);17,18(ATCC);18(CLS)	17,18	17,18
D19S433	15,18	15,18(ATCC);18(CLS)	18	15,18
D1S1656	15,17.3	NA	15,17.3	15,17.3
D21S11	NA	28,30.2	28,30.2	28,30.2
D22S1045	16,15	NA	16	16

D2S441	11,15	11,15	11,15	11,15
D3S1358	15	15,17	15,16,17(CCRID);15,17(ATCC)	15,17
D6S1043	11	11	NA	NA
D8S1179	14	12,14	12,14	12
FGA	NA	23	23	23

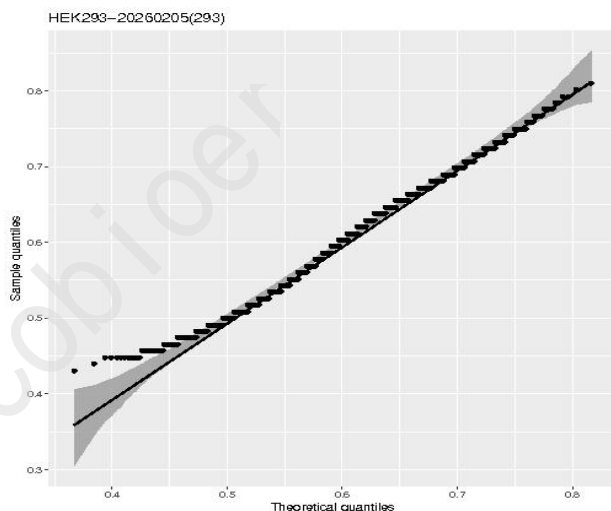
经过与数据库参考细胞系父本 9 位点比对，样本 HEK293-20260205 与 HEK293 细胞匹配度最高为 100%。

5.3 人源细胞污染（异质性）

经过分析，样本 HEK293-20260205 异质性比率较低，符合 227 个 SNP 的异质性比率分布特征。

判断依据：异质性比率是通过使用>200 个 SNP 对样本遗传异质性进行定量测量的指标，其定义见参考文献[1]表 1。该比率源于遗传异质性和污染因素。高异质性比率及双峰/三峰分布通常提示可能存在污染。

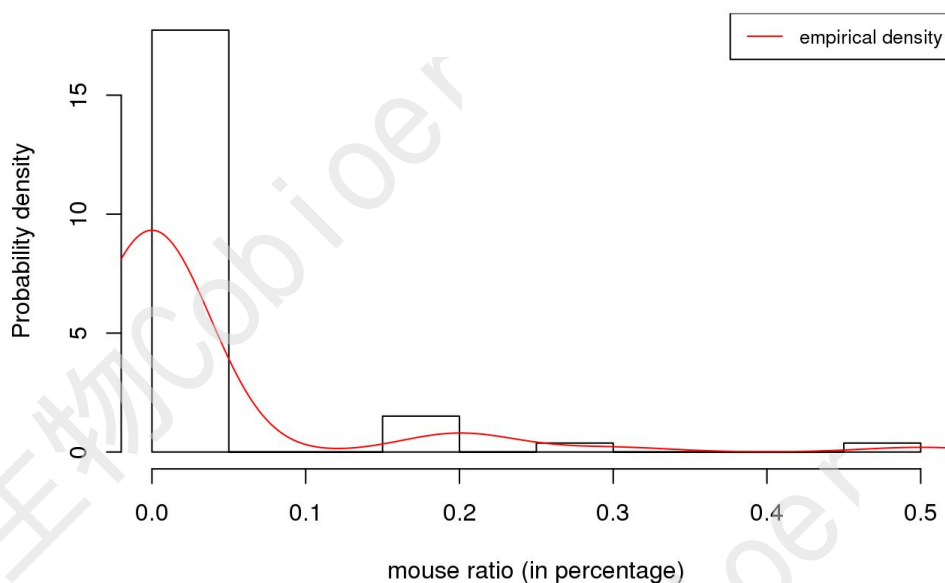
5.4 人源细胞污染识别



经过分析，样本 HEK293-20260205 中没有其他人源细胞污染。

判断依据：本分位数-分位数图中，每个数据点代表一个参考细胞系。理论分位数与样本分位数均通过 β 分布计算得出，该分布拟合自测试样本与所有参考样本间的基因型相似性。图中 99%置信区间以阴影标示。若某参考样本满足以下条件则判定为污染样本：(1) 具有最高基因型相似性；(2) 其基因型相似性在分位数-分位数图中超过 99%置信区间上限；(3) 在拟合的 β 分布中 P 值 $<1.0E-6$ 。

5.5 小鼠细胞污染



经过分析，样本 HEK293-20260205 中的小鼠细胞比例为 0%。

判断依据：小鼠比例是基于 53 个 100-300 bp 的人---小鼠同源片段估算得出，这些片段具有相同的侧翼序列，并通过相同的引物进行扩增。本检测方法可高精度估算人鼠混合样本中小鼠比例，并能可靠检测约 0.1% 的小鼠细胞比例。

5.6 小鼠细胞识别

Model	Characteristic SNPs detected	Model	Characteristic SNPs detected	Model	Characteristic SNPs detected
2666	0	GL261	0	N1E115	0
2PK3	0	H22	0	NFS60	0
3T3J2	0	Hep551C	0	NIH3T3	0
3T3Swissalbin	0	Hepa16	0	Neuro2a	0
4T1	0	Hepa1c1c7	0	P388	0
A20	0	J558	0	P388D1	0
ATDC5	0	J558L	0	P3NS11Ag41NS1	0
B16	0	J774A1	0	P3X63Ag8	0
B16BL6	0	JC	0	P3X63Ag8653	0
B16F0	0	K7M2WT	0	P3X63Ag8U1	0
B16F1	0	KLN205	0	P815	0
B16F10	0	L1210	0	Pan02	0
BAF3	0	L5178RLYR	0	RAG	0
BALB3T3	0	L5178SLYS	0	RAW2647	0
BCL1clone5B1b	0	L5178YTKclone372C	0	RM1-ATCC	0
C1271	0	LA4	0	RM1-SIBS	0

C1498	0	LLC	0	Renca	0
C2C12	0	MB49	0	S491	0
CMT93	0	MBT2	0	S49Thy1a	0
CT26WT	0	MC38-FDC C	0	SP20	0
CloneM3	0	MC38-Kera fast	0	STO	0
Colon26	0	MC38-Phar m1	0	Sarcoma18 0	0
D2N	0	MC38-Phar m3	0	TC1	0
EG7Ova	0	MC38-Nanji ngGalaxy	0	TRAMPC2 WTE	0
EL4	0	MC38-Phar m2	0	U14	0
EMT6	0	MFC	0	UGSM2	0
EO771	0	MLTC1	0	WEHI164	0
EOMA	0	MPC11	0	WEHI3	0
EPH41424	0	MS1	0	WEHI3BD	0
FM3A	0	MTCM	0	bEnd3	0
FO	0	N18Hampr echt	0	mHypoEN6	0

经过分析，样本 HEK293-20260205 与我们数据库中的 93 种小鼠细胞模型均不匹配。

判断依据：当检测到 $\geq 80\%$ 的特征性 SNP 时，将分配匹配的小鼠细胞模型。特征性 SNP 列表详见参考文献[1]表 S6。

5.7 支原体检测

Mycoplasma median coverage (universal region)	Human and mouse median coverage	Ratio of coverage
0	165	0

经过分析，样本 HEK293-20260205 为支原体阴性。

检测方法：采用六对通用引物检测支原体污染。

5.8 微生物感染筛查

Microorganism	Number of high-coverage bases	Microorganism	Number of high-coverage bases
AAV	0	Mammalian_orthoreovirus_2	0
ADV	0	Merkel_cell_polyomavirus	0
ADV-16	0	Minute_virus_of_mice	0
ADV-21	0	Mouse_parvovirus_1	0
ADV-55	0	Mouse_parvovirus_2	0
ADV-68	0	Mouse_parvovirus_3	0
ADV-7	0	Mouse_parvovirus_4	0
ADV-8	0	Mouse_parvovirus_5a	0
Adeno-associated_virus_9	0	Murid_betaherpesvirus_1	0
B19V	0	Murid_betaherpesvirus_2	0
BKV	0	Murid_herpesvirus_3	0
Boone_Cardiovirus	0	Murine_adenovirus_1	0
Bovine_adenovirus_10	0	Murine_adenovirus_2	0
Bovine_adenovirus_2	0	Murine_chapparvovirus	0
Bovine_adenovirus_3	0	Murine_coronavirus	0
Bovine_adenovirus_4	0	Murine_hepatitis_virus	0

Bovine _ adenovirus _6	0	Murine _ kobuvirus _1	0
Bovine _ adenovirus _7	0	Murine _ norovirus	0
Bovine _ parvovirus _1	0	Murine _ orthopneumovirus	0
Bovine _ parvovirus _2	0	Murine _ poliovirus	0
Bovine _ parvovirus _3	0	Murine _ polyomavirus	0
Bovine _ respirovirus _3	0	Murine _ respirovirus	0
Bovine_viral_diarrhea_virus _1	0	Murine _ rotavirus	0
Bovine_viral_diarrhea_virus _2	0	Murine _ sapovirus	0
Bovine_viral_diarrhea_virus _3	0	Porcine _ circovirus _2	0
Burkholderia _ gladioli	0	Porcine _ circovirus _3	0
CMV	0	Porcine _ parvovirus	0
Corynebacterium_bovis	0	Porcine _ parvovirus _2	0
EBV	0	Porcine _ parvovirus _3	0
Ectromelia _ virus	0	Porcine _ parvovirus _4	0
HAV	0	Porcine _ parvovirus _5	0
HBV	0	Porcine _ parvovirus _6	0
HCV	0	Porcine _ parvovirus _7	0
HFV1	0	Pseudomonas _ aeruginosa	0

HHV-5	0	Rat _ parvovirus _ 1	0
HHV-6A	0	Rat _ parvovirus _ 2	0
HHV-6B	0	Rat _ parvovirus _ NTU1	0
HHV-7	0	Rotavirus _ B	0
HHV-8	0	SV40	0
HIV-1	0	Saccharopolyspora_erythraea	0
HIV-2	0	Seoul _ orthohantavirus	0
HPV16	0	SinNombre _ orthohantavirus	0
HPV18	0	Theilers-like _ virus _ of _ rats	0
HSV1	0	Torque_teno_sus _ virus	0
HSV2	0	Torque_teno_sus_virus_1a	0
HTLV-1	0	Torque_teno_sus_virus_1b	0
HTLV-2	0	Torque_teno_sus_virus_k2a	0
HTLV-3	0	Torque_teno_sus_virus_k2b	0
HTLV-4	0	Treponema _ pallidum	0
Hantaan _ orthohantavirus	0	VSVG	0
Human_foamy_virus	0	Varicella-zoster _ virus	0
JCV	0	Vesivirus	0

Lactate_ dehydrogenase-elevating_ virus	0	adeno-associated_virus_2	0
Mammalian_orthoreovirus _1	0		

经过分析，样本 HEK293-20260205 对如上 107 个微生物均呈阴性。

判断依据：采用多对引物检测每种微生物。若某病毒的高覆盖碱基（读取深度>500）数超过 100，判定该样本对该病毒呈阳性。详见参考文献[1]。

5.9 性别鉴定

SNP-anchored Y chromosome segment	Read depth
hg19_chrY_14832620	0
hg19_chrY_15467824	0
hg19_chrY_15591537	1
hg19_chrY_2822023	0
hg19_chrY_7235632	0
hg19_chrY_21765821	0

经过分析，样本 HEK293-20260205 为女性。

判断依据：若 3 个 Y 染色体 SNP 的读取深度总和 > 1000，则判定样本为男性；若总和 < 300，则预测性别为女性；若读取深度总和小于 1000 且大于 300，则不进行性别判定。由于 Y 染色体在癌症基因组中常发生丢失，建议采用显微镜观察法对性别预测结果进行确认。

5.10 人种基因混合比例检测

经过分析，样本 HEK293-20260205 主要来源于 CHB。

判断依据：基于 143 个 SNP 的基因分型数据，该样本的遗传混合比例为-% CHB 、-% CEU 和-% YRI ，其中 CHB 代表汉族，CEU 代表 CEPH 样本库中具有北欧和西欧血统的犹他州居民，YRI 代表尼日利亚约鲁巴人。

6. 引用文献

1. Chen,X., Qian,W., Song,Z., Li,Q. and Guo,S. (2020) Authentication, characterization and contamination detection of cell lines, xenografts and organoids by barcode deep NGS sequencing. NAR Genomics and Bioinformatics, 2, 3.

<http://academic.oup.com/nargab/article-abstract/2/3/lqaa060/5893932>.