

PRODUKT INFORMATION

Trypsin MS approved

Art.-Nr. 37286

Produktbeschreibung:

Allgemeines Trypsin MS approved ist eine Serin-Endopeptidase, die spezifisch an der Carboxylseite von Lysin-, Arginin- und S-Aminoethyl-Cystein-Resten spaltet. Es erfolgt kaum oder keine Spaltung bei Arginyl-Prolin- oder Lysinyl-Prolin-Bindungen. Die Spaltung kann auch reduziert sein, wenn saure Reste auf beiden Seiten einer potenziell anfälligen Bindung vorhanden sind¹.

Trypsin wird in der Proteomik für das Peptid-Mapping verwendet, da seine hochspezifische Spaltung zu einer begrenzten Anzahl von Trypsin-Peptiden führt.

Eigenschaften

- Ursprung: Schweinepankreas
- Reinheit: > 90 %
- Tryptische Aktivität: > 6000 U/g*
- Keine chymotrypsische Aktivität nachweisbar
- Modifiziert durch reduktive Methylierung
- Jede Charge wird durch In-Gel-Verdauung und massenspektrometrische Analyse qualifiziert
- Menge: ≥ 100 µg/Fläschchen, bestimmt durch Messung bei A280.

Lagerung Trypsin MS approved sollte **im trockenen Zustand** bei -15 °C bis -25 °C gelagert werden.

Proteinverdau in Lösung Lyophilisiertes Trypsin MS approved wird in 50 mM Essigsäure zu einer Endkonzentration von 1 µg/µl rekonstituiert. Für die Verdauung des Zielproteins fügen Sie Trypsin zu einem endgültigen Proteaseverhältnis von 1:100 bis 1:20 (w/w) hinzu.

Proteinverdau im Gel Lyophilisiertes Trypsin MS approved wird in 50 mM Essigsäure zu einer Endkonzentration von 1 µg/µl rekonstituiert. Anschließend 25 mM NH₄HCO₃, pH 8, hinzufügen, um eine Konzentration von 50 µg/ml zu erreichen.

Für die endgültige Anwendung die Trypsinlösung im Verhältnis 1:2,5 mit 25 mM NH₄HCO₃, pH 8, verdünnen und 10 bis 20 µl für die Rehydratation/Verdauung jedes Gelstücks verwenden.

Optional: Um ein Verstopfen des LC-Systems zu vermeiden, die Lösung aus dem In-Gel-Verdau durch Zentrifugation klären oder die Peptide z.B. mit Essigsäure und Acetonitril extrahieren.

PRODUKT INFORMATION

Trypsin MS approved

Art. No. 37286

Qualitätskontrolle

Jede Charge von Trypsin MS approved wird durch In-Gel-Verdauung und massenspektrometrische Analyse qualifiziert. Ein Beispiel eines Spektrogramms ist in Abbildung 1 dargestellt. Chargenspezifische Spektrogramme, die unter Verwendung von Rinderserumalbumin (BSA) als Substrat erstellt wurden, sind verfügbar unter: tech.service@serva.de.

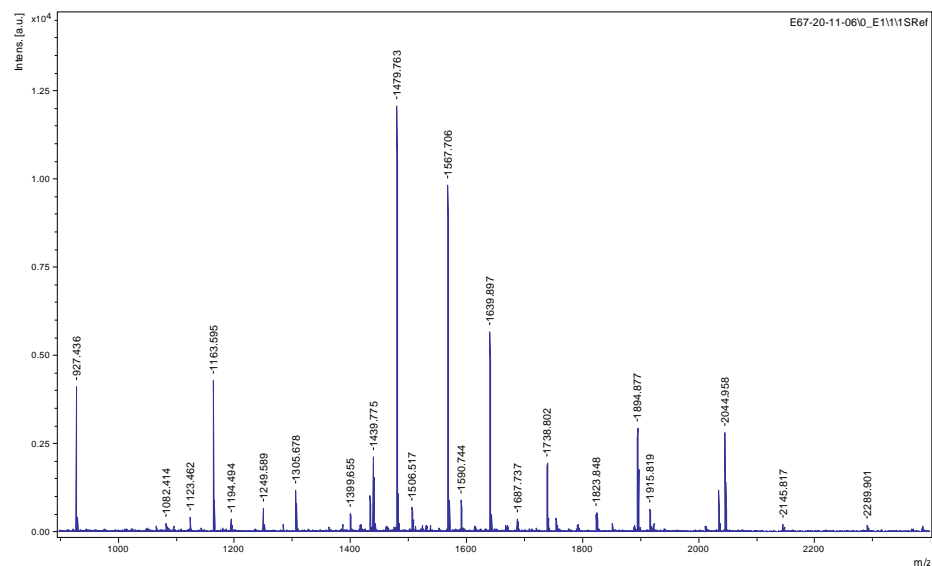


Abb. 1: Ein Spektrogramm von BSA, das mit Trypsin MS approved verdaut wurde. 300 ng BSA wurden durch Gelelektrophorese getrennt und mit 10 ng/μl Trypsin MS approved in 50 mM NH₄HCO₃ bei 37 °C über Nacht verdaut. Die erzeugten Peptide wurden im Reflectron-Modus mit dem Bruker Ultraflex MALDI-TOF/TOF-Massenspektrometer analysiert. Angegebene Massenwerte wurden als BSA-Protein unter Verwendung der Mascot-Suchmaschine identifiziert (Score >300). Es wurden keine tryptischen autokatalytischen Verdauungssignale identifiziert (Ref. A. Pich, unveröffentlicht, Medizinische Hochschule Hannover (MHH)).

***Einheitendefinition:** 1 U katalysiert die Hydrolyse von 1 μmol α-Benzoyl-L-arginin-4-nitroanilidhydrochlorid (BAPNA) pro Minute bei 30 °C, pH 8,0.

¹Wilkinson, J. M. (1986): Fragmentation of Polypeptides by Enzymatic Methods. In: *Practical Protein Chemistry: A Handbook*. A. Darbre, ed., John Wiley and Sons, New York, N.Y.

Version 07/24