

# 質量分析のための試薬ガイド

高速トリプシン消化キット、低 pHトリプシン消化キット	2
プロテアーゼと消化促進剤	3
<b>NEW</b> Trypsin Platinum、Trypsin / Lys-C Mix	4
<b>NEW</b> ProAlanase、IdeS・IdeZ Protease	5
ProteaseMAX™ Surfactante	6
タンパク質抽出液（質量分析適合）	7
ペプチドリファレンスマックス	7
グリコシダーゼ	8

## 高速トリプシン消化キット

## Rapid Digestion Trypsin, Rapid Digestion Trypsin/Lys-C



酵素の修飾とバッファーの最適化により、一般的に4～18時間のインキュベートを行っていたトリプシン消化（またはトリプシン/Lys-C消化）が60分（処理温度70度）に短縮できます。ほとんどのタンパク質では還元やアルキル化は必要なく、処理ステップを大幅に省略できるため多検体分析のサンプル調製や短時間で分析結果を求める方の前処理に最適です（還元、アルキル化、変性状態でも使用可能）。

## 特長

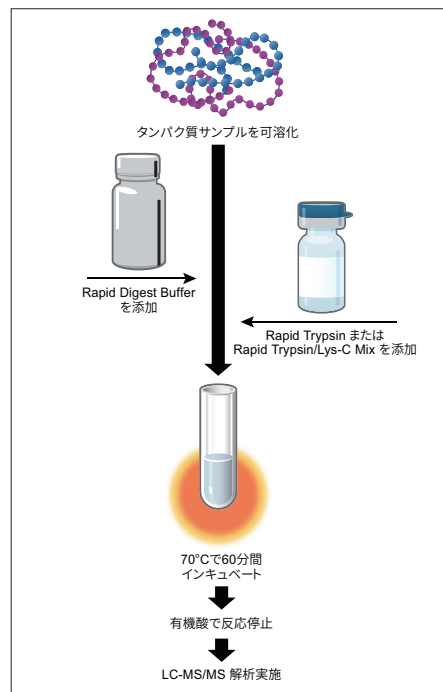
- トリプシン処理時間を劇的に短縮
- 変性剤が不要のためオフラインのサンプルクリーンアップも不要、サンプルロスのお機も減少
- 還元剤、アルキル化剤存在下で使用可能
- サンプルボリュームの制限がなく、自由に実験系の設計ができる
- 酵素はビーズに固定されたタイプではなく溶液タイプであるため、振盪やビーズ除去は不要
- ヒートブロックの他に特別な機器を必要とせず、オートメーション化に使用された論文実績あり（下記参考文献）

## 保存条件

開封前は -10～-30℃にて保存

Resuspension Buffer で溶解した酵素は -70℃で1ヶ月まで保存可能

製品名	容量	カタログ番号
Rapid Digestion Kit-Trypsin	100 µg (100 回反応分)	VA1060
Rapid Digestion Kit-Trypsin/Lys-C	100 µg (100 回反応分)	VA1061



Rapid Digestion Kit のワークフロー

## トリプシン処理中に起こる人為的翻訳後修飾を防ぐ

## AccuMAP™ Low pH Protein Digestion Kit



一般的にペプチドマッピングのサンプル調製で用いるトリプシンやプロテアーゼはアルカリ性で効率の良いタンパク質消化が可能です。しかしアルカリ性での処理は脱アミド化などの人為的な非酵素的翻訳後修飾を引き起こすことが知られており、解析を困難にします。本製品はすべての処理ステップを低 pH 条件下で行い、消化効率は維持しながら質量分析用サンプル調製で生じる人為的な翻訳後修飾を抑制します。タンパク質の修飾状態を詳細に分析する抗体医薬品やタンパク質製剤など、品質管理分析のサンプル調製に最適です。

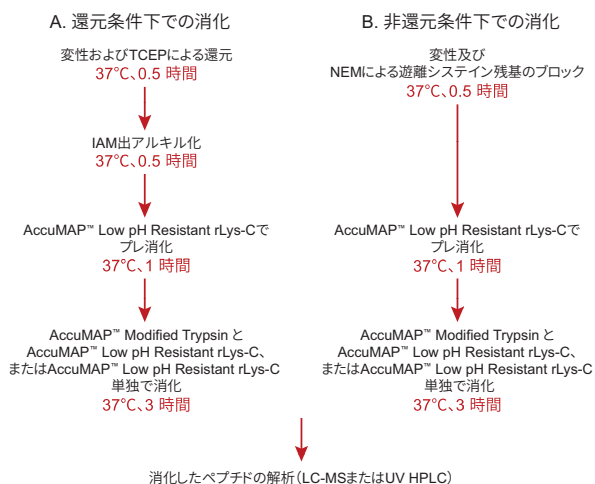
## 特長

- 低 pH で消化するため、サンプル調製時に生じる脱アミド化、ジスルフィド結合スクランプリング、酸化を抑制
- rLys-C は変性条件下でも活性があり、リジンサイトでの切断効率を最大化
- シーケンスカバレッジは標準的な消化条件と同等
- トリプシン消化条件を最適化することで、過消化によるベースラインノイズを最小化
- 還元条件下でも非還元条件下でも、グアニジン塩酸塩や尿素など変性剤存在下でも使用可能

製品名	容量	カタログ番号
AccuMAP™ Low pH Protein Digestion Mini Kit	10 回反応分 *	VA1040
AccuMAP™ Low pH Protein Digestion Maxi Kit	100 回反応分 **	VA1050

\*500 µg のタンパク質を消化するのに十分な試薬が含まれます。

\*\*5 mg のタンパク質を消化するのに十分な試薬が含まれます。



AccuMAP™ Low pH Protein Digestion Kit のサンプル調製概要

## プロテアーゼと消化促進剤

製品名	切断部位	特長	容量	カタログ番号
<b>トリプシン</b>				
<b>NEW</b> Trypsin Platinum, Mass Spectrometry Grade		特異性と自己消化耐性が極めて高い。リコンビナントであり、動物由来タンパク質の混入がない。 <b>特異性</b> <b>自己消化耐性</b>	100 µg	VA9000
Trypsin/Lys-C Mix, Mass Spec Grade		トリプシンと Lys-C の両方の作用で切れ残りを低減し、サンプル間の再現性が向上。 <b>消化効率</b>	20 µg	V5071
			100 µg	V5072
			5 x 20 µg	V5073
Trypsin Gold, Mass Spectrometry Grade	Lys-C、Arg-C	質量分析グレード。特異性が向上し (TPCK 処理)、自己消化を予防 (リジンの還元メチル化)。	100 µg	V5280
			5 x 20 µg	V5111
			5 x 20 µg	V5113
Sequencing Grade Modified Trypsin		V5113 は凍結乾燥粉末、V5113 は凍結溶液 (0.5 mg/ml : in 50 mM acetic acid)	100 µg	V5117
Immobilized Trypsin		短時間で消化 (30 分間)。トリプシンがレジンに固定化されているので分解産物のみを回収可能。	2 ml	V9012
			(10 回分)	
			2 x 2 ml (20 回分)	V9013
<b>特異性の高いプロテアーゼ</b>				
rLys-C, Mass Spec Grade	Lys-C	8M urea のような変性条件に耐性があり、プロテアーゼに抵抗性のあるタンパク質の消化に使用。リコンビナントでネイティブタイプより安価。	15 µg	V1671
Lys-C, Mass Spec Grade		ネイティブタイプの Lys-C	20 µg	VA1170
Arg-C, Sequencing Grade	Arg-C、Lys-C	ヒストン修飾の解析などに。活性には DTT、システインなどの還元剤と CaCl <sub>2</sub> が必要。	10 µg	V1881
Asp-N, Sequencing Grade	Asp-N、Cys-N	ネイティブタイプの Asp-N。urea (3.5M まで)、guanidine HCl (1M)、SDS(0.028% まで)、ProteaseMAX™ Surfactant (0.026% まで)、acetonitrile (60%まで)、EDTA (2mM まで)、DTT または β-mercaptoethanol 存在下で 100% 活性残存。	2 µg	V1621
rAsp-N, Mass Spec Grade	Asp-N、Cys-N	リコンビナントでネイティブタイプより安価。超純水で溶解後 4°C で 8 週間は保存可能。治療用モノクローナル抗体など精製タンパク質のペプチドマッピングに好適。	10 µg	VA1160
Glu-C, Sequencing Grade	Glu-C、Asp-C	シーケンスクーパー率向上のためトリプシン以外の選択肢として使用 (In gel 消化には推奨しません)。	5 x 10 µg	V1651
<b>NEW</b> ProAlanase, Mass Spec Grade	Pro-C、Ala-C	至適 pH 1.5 (1 ~ 5.5)、短い消化時間 (1 ~ 2 時間)。酸性条件下での処理は人為的な非酵素的翻訳後修飾を防ぐ。	5 µg	VA2161
			15 µg	VA2171
<b>特異性の低いプロテアーゼ</b>				
Chymotrypsin, Sequencing Grade	芳香族アミノ酸 (Tyr、Phe、Trp) の C 末端	膜タンパク質など疎水性タンパク質の消化などに。urea (1M まで) または guanidine HCl (1M まで) 存在下で 80% 活性残存、ProteaseMAX™ Surfactant (0.025% まで) では活性低下が見られない。	25 µg	V1061
			4 x 25 µg	V1062
<b>非特異的なプロテアーゼ</b>				
Elastase	Ala-C、Val-C、Ser-C、Gly-C、Leu-C、Ile-C を優先的に切断	シーケンスクーパー率向上のためトリプシン以外の選択肢として使用。	5 mg	V1891
Pepsin	Phe-C、Leu-C、Tyr-C、Trp-C を優先的に切断	タンパク質の構造研究 (水素重水素交換質量分析など)、抗体の解析に。プロテアーゼに抵抗性のあるタンパク質の消化に使用。	250 mg	V1959
<b>抗体消化用プロテアーゼ</b>				
IdeS	IgG ヒンジ部直下	ヒト (IgG1, IgG2, IgG3, IgG4)、サル、ヒツジ、ウサギ、ヒト化抗体、キメラ IgG 抗体、Fc 融合タンパク質を消化。30 分で消化完了、特異性・再現性が高く、原則 100% 完全消化。除去を容易にするためヒスチジンタグを含む。	5000 u	V7511
			5 x 5000 u	V7515
IdeZ		IdeS からさらにマウス IgG2a および IgG3 サブクラスに対する活性が飛躍的に向上。30 分で消化完了、特異性・再現性が高く、原則 100% 完全消化。除去を容易にするためヒスチジンタグを含む。	5000 u	V8341
			5 x 5000 u	V8345
<b>プロテアーゼ消化促進剤</b>				
ProteaseMAX™ Surfactant, Trypsin Enhancer	—	タンパク質を可溶化し、分解効率およびゲル内消化後のペプチド回収率が向上。1 時間で消化完了。	1 mg	V2071
			5 x 1 mg	V2072



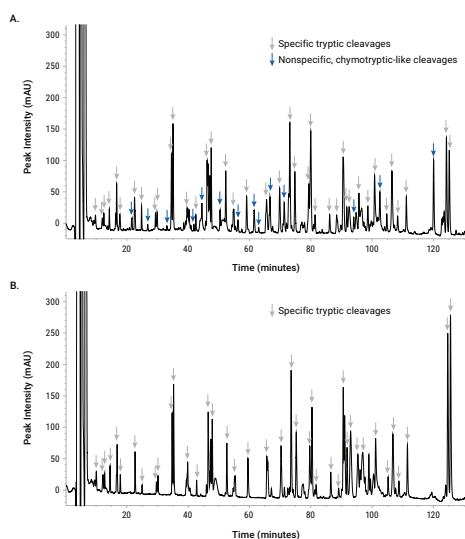
ペプチドマッピングに理想的!最も正確で再現性のある新トリプシン

## Trypsin Platinum, Mass Spectrometry Spec Grade カタログ番号 VA9000

Trypsin Platinum は、マスペクトロメトリーや RP-HPLC-UV を用いた正確なタンパク質解析のために開発されたリコンビナントのトリプシンです。検出可能なレベルの非特異的な消化活性は認められず、また新しい化学修飾法により最大限の自己消化耐性を有します。タンパク消化効率が高く、リコンビナントであるため動物由来のタンパクを含みません。

### 特長

- 非特異的な消化活性がほぼみられない
- 極めて高い自己消化耐性
- 複数の精製工程を経た高純度品
- 優れた消化効率
- リコンビナントにより高まったロット間安定性
- 動物由来タンパク質のコンタミネーションなし



### Trypsin 選択ガイド

切断特異性と品質

製品名	特長
Trypsin Platinum	極めて高い特異性 最高の自己消化耐性と純度
Trypsin/Lys-C Mix	最も効率的な消化 プロテアーゼ阻害物質への高い耐性
Trypsin Gold, MS Grade	より高い消化効率 高純度
Trypsin, Sequencing Grade	バランスの良いパフォーマンス お手頃価格

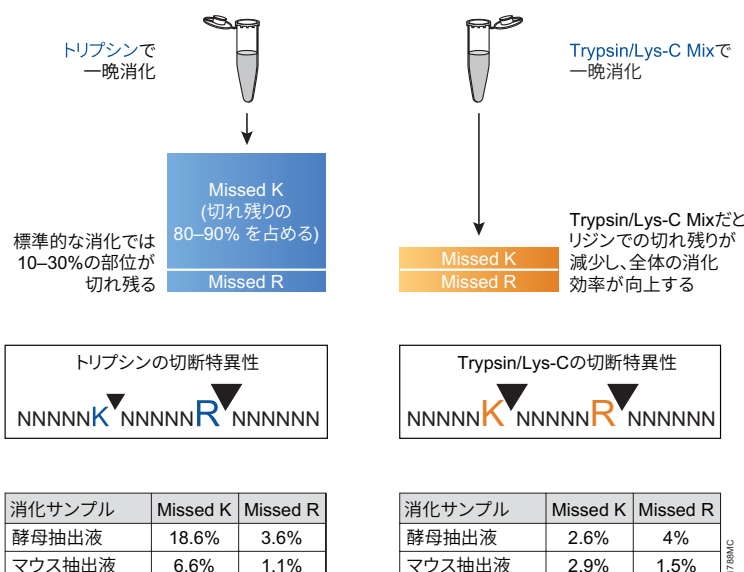
**Trypsin Platinum の特異性** Trypsin Platinum と Panitumumab (Vectibix®, Amgen 社) を 1:10 の比率で消化し、生じたペプチドを RP-HPLC-UV で分析した。ペプチドのピークを LC-MS で解析し、特異的な切断を受けたペプチドと非特異的な切断を受けたペプチドを区別した結果、既製品の MS グレードのトリプシンには顕著な非特異的なタンパク質分解活性があることがわかった (パネル A)。詳細な分析により、キモトリプシン様の非特異的な切断パターンが生じていることが示された。対照的に Trypsin Platinum は特異的なトリプシン切断断片のみを生成した (パネル B)。

ダブルの力で切れ残り激減

## Trypsin/Lys-C Mix, Mass Spec Grade カタログ番号 V5071, V5072, V5073

Trypsin/Lys-C Mix は Trypsin Gold, Mass Spectrometry Grade と rLys-C, Mass Spec Grade の混合物であり、トリプシン単独で消化するよりも消化効率を向上させ、MS によるペプチド同定率を向上させます。

トリプシンは Arg と Lys のカルボキシル側、Lys-C は Lys のカルボキシル側のエステル結合を加水分解する活性を持ちます。トリプシン単独では切断効率の低い N 末、Lys-Asp あるいは Lys-Glu が切れ残りますが、Lys-C を組み合わせることで全体的な分解効率・再現性が向上します。標準的なプロトコールに加え、難分解性タンパク質の場合は 6-8M 尿素存在下での変性と消化を行う 2 ステップ法があります。



### トリプシン単独と Trypsin/Lys-C Mix での切れ残り部位の比較

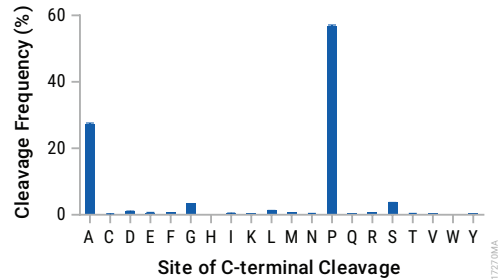
消化は標準的なプロトコールに従って実施した。

## ProAlanase, Mass Spec Grade カタログ番号 VA2161, VA2171

ProAlanase はプロリンやアラニン残基 C 末端側を優先的に切断するエンドプロテアーゼです。真菌 (*Aspergillus niger*) から分離・精製され、An-PEP や EndoPro とも呼ばれています。ボトムアッププロテオミクスで使用されるプロテアーゼの多くが中性から弱アルカリ性の pH でタンパク質を切断するのに対し、ProAlanase は酸性の pH (～ 1.0 - 5.5) で活性を示します。消化時間は 1 ～ 2 時間です。

### 酸性条件下で消化を行うメリット

- ・ 中性や塩基性の条件下で生じる脱アミド化やジスルフィド結合のスクランブル化など、サンプル調製に起因するアーティファクトを抑制
- ・ 強酸性 pH (1.5 など) が変性剤として作用し、タンパク質のアンフォールディングを促進
- ・ 重水素の逆交換が制限されるため、水素 - 重水素交換 (HDX) 質量分析に使用可能



### 用途

- ・ パレオプロテオミクス
- ・ ヒストンなどトリプシンでは消化に偏りが生じるサンプルの解析
- ・ *de-novo* シーケンシング
- ・ リン酸化プロファイリングなどの翻訳後修飾解析
- ・ ジスルフィド結合マッピング

**ProAlanase の C 末端切断特異性** ヒト K562 抽出液を、酵素：基質を 1：100 の割合で用い、pH1.5 で 37°C で 2 時間、ProAlanase で消化した。ペプチドは Q-Exactive Plus を用いた LC-MS/MS で分析した。データは Byonic™ ソフトウェアを用い酵素を指定せずに検索した。主にプロリンとアラニンの C 末端側で切断された。

### アプリケーションセミナー (US HUPO 2021 より)

ProAlanase を用いた上記アプリケーションに関するユーザー様の発表をご覧ください。



### 参考文献

Samodova, D. *et al.* (2020) ProAlanase is an effective alternative to trypsin for proteomics applications and disulfide bond mapping. *Mol Cell Proteomics* 19(12), 2139–56.

### 最適化不要、30 分以内に IgG を切断

## IdeS Protease, IdeZ Protease カタログ番号 V7511, V7515, V8341, V8345

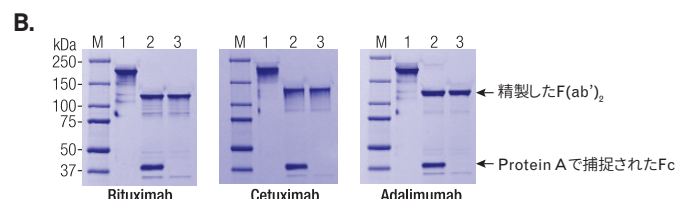
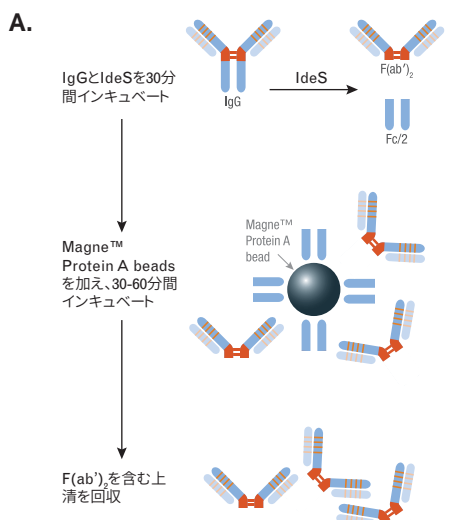
IdeS および IdeZ プロテアーゼはイムノグロブリン G (IgG) をヒンジ領域下部の 1 か所を特異的に切断し、F(ab)<sub>2</sub> と Fc 断片を生じます。どちらもヒト IgG1、IgG2、IgG3 および IgG4、サル、ヒツジ、ウサギ、ヒト化および キメラ IgG、Fc- 融合タンパク質も効率的に切断します。また、IdeZ プロテアーゼのみマウスの IgG2a および IgG3 を切断できます。

### 特長

- ・ 最適化なしでも 30 分で消化完了
- ・ 非常に特異性が高く、1 か所で切断
- ・ His タグが付加されているため反応液中から除去が可能

### 用途

- ・ Fc 融合タンパク質や抗体薬物複合体 (ADC) など、抗体医薬の特性解析
- ・ F(ab)<sub>2</sub>、Fc 断片の生成
- ・ 高い特異性を要する切断



**IdeS Protease と Magne™ Protein A Beads を用いた F(ab)<sub>2</sub> の調製** パネル A. IdeS Protease と Magne™ Protein A Beads (カタログ番号 G8781) を用いて F(ab)<sub>2</sub> 断片を精製した。パネル B. レーン 1 は IgG のみ、レーン 2 は IdeS Protease による 30 分間の消化で生じた F(ab)<sub>2</sub> と Fc 断片、レーン 3 はレーン 2 の消化産物に Magne™ Protein A Beads を加え 30 分間インキュベートしたものの。Fc 断片は磁性体ビーズ上に残り、精製 F(ab)<sub>2</sub> 断片は上清に含まれる。Fc 断片は低 pH バッファーで溶出することも可能。

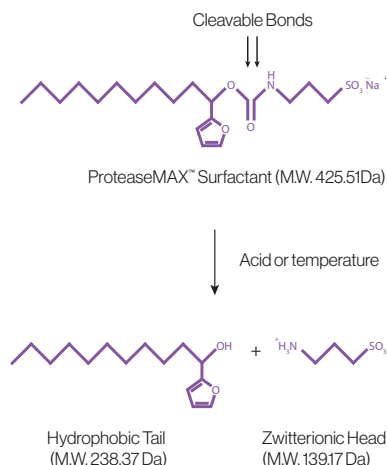
ProteaseMAX™ Surfactant は膜タンパク質の様なタンパク質であっても可溶性し、トリプシン、Lys-C やキモトリプシンなどのプロテアーゼによる分解効率を向上させます。また、タンパク質のゲル内消化では、消化時間の短縮とペプチドの回収率が改善されます。本試薬は消化反応中に分解されるため除去処理は不要であり、分解物は質量分析や液体クロマトグラフィーに影響を与えません。

**特長**

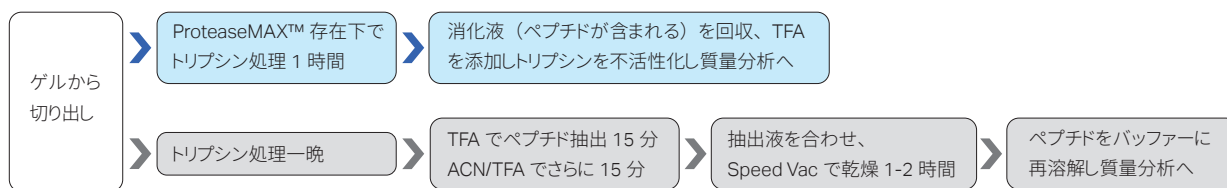
- タンパク質を変性し、プロテアーゼによる消化時間を 3 時間にまで短縮
- ゲルからのペプチド回収率が増加し、タンパク質同定精度が向上
- 室温で 1 時間以内に疎水性タンパク質を可溶化
- Urea と同時に使用し可溶性をさらに高められる
- 消化後に加熱や酸などによる不活性化処理が不要、そのまま質量分析に使用可能

**参考文献**

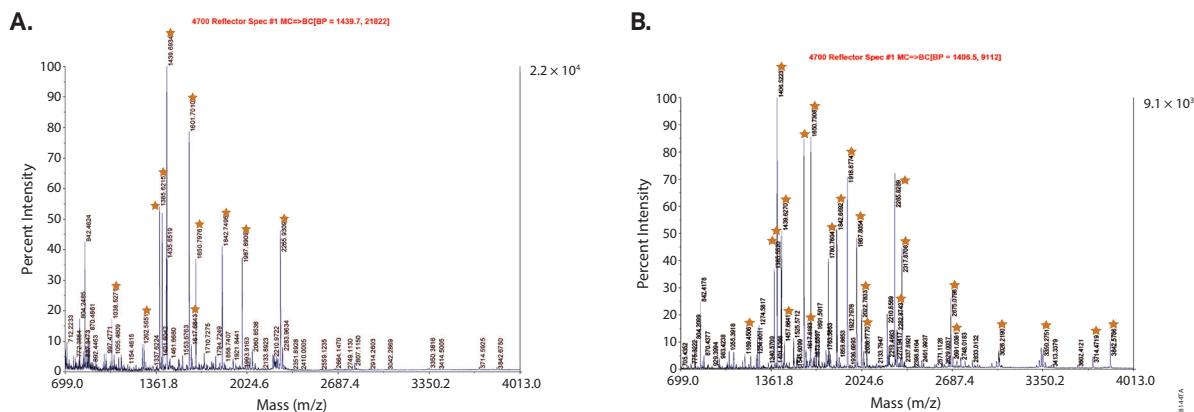
Pirmoradian M, et al. (2013) Rapid and deep human proteome analysis by single-dimension shotgun proteomics. Mol Cell Proteomics. 12, 11, 3330-3338.  
 Saveliev SV, et al. (2013) Mass Spectrometry Compatible Surfactant for Optimized In-Gel Protein Digestion. Anal Chem. 85, 2, 907-914.



**ProteaseMAX™ Surfactant の物理的特性** 陰イオン界面活性剤である ProteaseMAX™ Surfactant は 1% ストック溶液であれば -20℃ で安定である一方、消化条件下（例：50℃ で 1 時間、ProteaseMAX™ Surfactant 濃度 0.025%）で分解し、界面活性剤様の特性を失う。



ProteaseMAX™ Surfactant と従来法の作業フローの比較



**ProteaseMAX™ Surfactant を用いた効果的な In-gel タンパク質消化 (MALDI-TOF 解析)** タンパク質の In-gel 消化において ProteaseMAX™ Surfactant を使用した場合と未使用の場合の MALDI-TOF マススペクトルを示す。マウス心臓から抽出した膜タンパク質を 4-20% SDS-PAGE に供し、Coomassie® R-250 で染色した。56 kDa の位置にあるバンドを切り出し、タンパク質を ProteaseMAX™ Surfactant 有り、または無しの条件で消化した。 **パネル A.** 従来の一晩消化の後、TFA / acetonitrile でペプチドを抽出した。 **パネル B.** ProteaseMAX™ Surfactant を用いて 1 時間消化した。どちらの場合でも得られたペプチドは 10 µl C18 ZipTip® pipette tips (Millipore 社) で精製し、OptiBeam™ on-axis laser 搭載 4800 MALDI-TOF/TOF Mass spectrometer (Applied Biosystems) で解析した。バンド内の主要なタンパク質は H+トランスポーターミトコンドリア F1 複合体由来 ATP 合成酵素のβサブユニットとして同定された(アサインされたペプチドをアスタリスクで示す)。シーケンスカバレッジ、MASCOT スコア、ランダムマッチの確率は従来法においてそれぞれ 50%、828、 $1 \times 10^{-76}$  であったのに対し、ProteaseMAX™ Surfactant を用いた場合は 75%、920、 $3.2 \times 10^{-87}$  であった。ProteaseMAX™ Surfactant を用いると長いペプチド (2,300 – 4,000 Da) が効率的に回収された。

ProteaseMAX™ Surfactant はトリプシン以外の酵素にも使用できます。各種プロテアーゼとの適合性はホームページをご覧ください。

[www.promega.co.jp/promega\\_resources/selection/protein/](http://www.promega.co.jp/promega_resources/selection/protein/)



## LC-MS 性能評価用タンパク質消化物&amp;抽出物

## Mass Spec-Compatible Protein Extracts



質量分析装置のパフォーマンスチェックやサンプル調製の最適化、手法開発を行うための酵母 (*Saccharomyces cerevisiae*) ならびにヒト (K562 細胞株) のタンパク質抽出物です。酵母抽出液は比較的コンパクトでよく研究されたプロテオームを研究する方に、ヒト抽出液は広いダイナミックレンジを有する複雑なプロテオームの研究に適しています。抽出液は、液体クロマトグラフィー / 質量分析 (LC-MS) にすぐ使用できるようトリプシン処理後固相抽出したものと、質量分析用のサンプル調製を最適化するためのテストマテリアルに使用できるトリプシン未消化タイプがあります。

## 特長

- 細胞培養条件から製造工程におよぶ厳重な管理により一貫性のあるタンパク質構成を保証
- 抽出液のロット間の安定性は、LC-MS およびアミノ酸分析を含む様々なタンパク質 / ペプチド定量 / 定性分析によりモニタリング
- 非特異的断片化や非生物学的な翻訳後修飾および最小限の未消化ペプチドのモニタリングにより、LC-MS との適合性を確認
- 安定したペプチド保持時間、シグナル強度、その他重要なパフォーマンスパラメーター

## 保存条件

Digest タイプは -20°C 保存、0.1% TFA またはギ酸で溶解後は 4°C で 3 週間、-20°C または -70°C で 6 ヶ月まで保存可能。複数回の凍結融解を避けるため、溶解後に小分けにし、ドライアイスで瞬間凍結して冷凍保存することが望ましい。

Intact タイプは -70°C 保存。複数回の凍結融解を避ける。

## 品質管理項目の比較

MS-Compatible Human Protein Extract Digest (V6951)		他社 HeLa protein Digest Standard
非酵素的翻訳後修飾		
脱アミド化ペプチドスペクトル	≤ 12 %	Not tested
酸化ペプチドスペクトル	≤ 5 %	< 10 %
カルバミル化ペプチドスペクトル	≤ 5 %	< 10 %
切断ミス		
切断ミス	≤ 10 %	< 10 %
ペプチドクオリティ		
サンプル中のアミノ酸を定量		A280
タンパク質の断片化	1 % 以下	Not tested
マッチングスペクトル	> 65 %	Not tested
ロット間安定性		
総タンパク質	> 1,805	—
ユニークペプチド	> 12,463	LC-MS クロマトグラムがリファレンスに一致
1,194 のヒトのコアペプチドの 85% 以上同定		リファレンスとのペプチドエリアの比 = 0.75 ~ 1.125
10 個のリファレンスタンパク質の相対存在量をモニターすることにより再現性を定量		Not tested

製品名	容量	カタログ番号
MS Compatible Yeast Protein Extract, Digest	100 µg (凍結乾燥品)	V7461
MS Compatible Human Protein Extract, Digest	100 µg (凍結乾燥品)	V6951
MS Compatible Yeast Protein Extract, Intact	1 mg (溶液タイプ*)	V7341
MS Compatible Human Protein Extract, Intact	1 mg (溶液タイプ*)	V6941

\* 溶媒組成 : 6.5M Urea/50 mM Tris-HCl (pH 8) 濃度 : 10 mg/ml

## LC-MS 性能評価用ペプチドミックス

## 6 x 5 LC-MS/MS Peptide Reference Mix



同じペプチド配列のアイソトポローグ 5 種類 × 6 セットからなる 30 種のペプチドの混合物であり、液体クロマトグラフィー (LC) と質量分析装置 (MS) のパフォーマンスのモニタリング、手法の開発や最適化などに使用できます。アイソトポローグは配列中に組み込まれた安定重同位体標識アミノ酸の数のみが異なります。標識は <sup>13</sup>C と <sup>15</sup>N 原子からなります。各アイソトポローグはクロマトグラフィーで分離できませんが、質量が異なるため質量分析装置では明瞭に分離されます。各ペプチドのアイソトポローグは 10 倍段階希釈されています。これらの特長により機器のダイナミックレンジや感度の評価が 1 回のランで可能となります。

製品名	容量	カタログ番号
6x5 LC-MS/MS Peptide Reference Mix	50 µl*	V7491
	200 pmol**	V7495

\* 溶液タイプ、500 fmol のインジェクション 50 回分に相当 \*\* 凍結乾燥品、5 pmol のインジェクション 40 回分に相当

## グリコシダーゼ

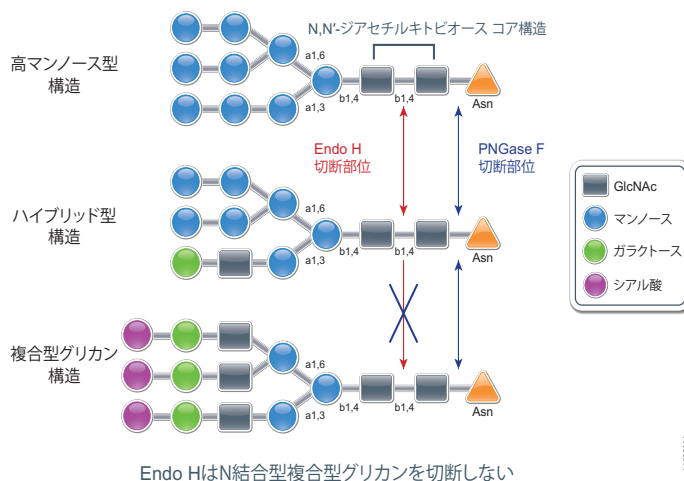
製品名	切断部位	特長	容量	カタログ番号
<b>N 結合型糖鎖除去</b>				
PNase F	N-結合型糖鎖の最も内側の N-アセチルグルコサミンとアスパラギン残基間	ほとんどの N-結合型糖鎖をタンパク質から切断。リコンビナントで低コスト、ProteaseMAX™ と併用も可能。2 時間で反応完了。	500 u	V4831
Endoglycosidase H	ジアセチルキトビオースコア内 N-アセチルグルコサミン残基間	N-結合型糖鎖のうち、高マンノース型糖鎖、ハイブリッド型糖鎖をタンパク質から切断。	10,000 u	V4871
			50,000 u	V4875
<b>コントロール基質</b>				
Fetuin	—	O 結合型および N 結合型の糖鎖付加部位を持つ、グリコシダーゼ用コントロール基質。	500 µg	V4961

## PNase F

- Elizabethkingia miricola よりクローニングされ、大腸菌で発現させた組換えグリコシダーゼで、分子量は 36 kDa
- N 結合型糖タンパク質から高マンノース、ハイブリッド型オリゴ糖、複合型オリゴ糖の最も内側の GlcNAc 残基とアスパラギン残基間の切断を触媒

## Endoglycosidase H (Endo H)

- Streptomyces plicatus 由来のグリコシダーゼで、大腸菌で発現させた組換え型酵素
- 高マンノース型構造のキトビオースコアあるいは N 結合型糖タンパク質からハイブリッドオリゴ糖を切断
- ジアセチルキトビオースコア内の 2 つの N-アセチルグルコサミン残基間を切断し、アスパラギン上に 1 個の N-アセチルグルコサミン残基を残す



## ユニット定義

1 ユニットは、トータルボリューム 10 µl の反応系で 37°C、1 時間で 10 µg の変性 RNase B から 95% 以上の糖を除去するために必要な酵素量です。

## その他のプロテアーゼ

製品名	特長	容量	カタログ番号
Factor Xa Protease	Ile-Glu-Gly-Arg を特異的に認識し、アルギニン残基のカルボキシル基側を特異的に切断	50 µg	V5581
ProTEV Plus	Tobacco Etch Virus (TEV) 由来の 48kDa の改良型 Nlaprotease で、7 つのアミノ酸配列 EXXYXQ(G/S) [最も汎用される配列は (ENLYFQG)] を認識してグルタミンとグリシンあるいはセリンの間を切断。N 末端に His タグが付加されており反応後に除去が可能。	1,000 u	V6101
		8,000 u	V6102
Proteinase K (凍結乾燥品)	真菌類 <i>Tritirachium album</i> 由来のセリンプロテアーゼで、芳香族アミノ酸や疎水性アミノ酸、脂肪族アミノ酸のカルボキシル基側を切断。RNase、DNase フリー。	100 mg	V3021
Proteinase K (PK) Solution (溶液タイプ)	室温で保存可能のため使用前の解凍が不要。濃度は 20 mg/ml (10 mM Tris-HCl (pH7.5), 1 mM calcium chloride, 50% glycerol)。RNase、DNase フリー。	4 ml	MC5005
		16 ml	MC5008

日本語 Web site : [www.promega.jp](http://www.promega.jp)テクニカルサービス • Tel. 03-3669-7980 • E-mail : [prometec@jp.promega.com](mailto:prometec@jp.promega.com)

## プロメガ株式会社

本社 〒103-0001  
東京都中央区日本橋小伝馬町 1-5 PMO日本橋江戸通  
Tel. 03-3669-7981

大阪事務所 〒541-0051  
大阪市中央区備後町 4-1-3 御堂筋三井ビルディング  
Tel. 06-6202-4581

\* 製品の仕様、価格については 2023 年 10 月現在のものであり予告なしに変更することがあります。

販売店