天净沙系列

CAT#:7-EC1.1.1.304

低温运输，-20℃保存

双乙酰还原酶[(S)-乙偶姻形成]活性测定试剂盒

SDR Assay Kit

使用手册 V1.01

北京天净沙基因科技有限公司

网址：www.tjs.bio；电话：400-1078566；电邮：order@tjs.bio

产品及特点

本产品用于测定双乙酰还原酶[(S)-乙偶姻形成]（Diacetyl Reductase [(S)-Acetoin Forming]，SDR，EC1.1.1.304）活性。其原理是该酶可以催化特异反应，其中一个底物在 340 nm 处有特征光吸收，故以之为测定物，它在该波长下的光吸收变化速度可反映其在反应中的转换速度，由此可测定 SDR 的还原性活性和氧化性活性。本产品具有如下特点：

1. 即开即用，使用便捷，用户不需要优化条件，只需准备待测样本。
2. 最低检测限为 0.17 U，线性范围在 0.39-12.5 U 之间。
3. 本试剂盒 1 个酶活性单位的定义是在最适反应条件下，让测定物每分钟产生 1 μmol 变化所需的酶量。注意：同一 EC 号下面的各种酶可能有不同的最适反应条件，本产品是基于大肠杆菌 SDR 的最适反应条件开发。如果用户所测酶的最适反应条件与之不同，可联系本公司定做。
4. 本产品足够 100 次 1 mL 体系的比色皿检测或 400 次 250 μL 体系的 96 孔板检测。
5. 本产品的起始材料是制备好的待测样本。本试剂盒不包括样本制备试剂，如果有需要可联系本公司另购。
6. 基于连续测定法，提供标准曲线法和消光系数法两种操作流程。
7. 本产品只可用于科研。

规格及成分

本产品采用小扁盒包装

成份	编号	规格	包装
SDR 还原性测定底物液 1	7-EC1.1.1.304sh1	100 mL	125 mL 棕色瓶
SDR 还原性测定底物液 2	7-EC1.1.1.304sh2	2 mL	15 mL 棕色瓶
SDR 氧化性测定底物液 1	7-EC1.1.1.304sy1	100 mL	125 mL 棕色瓶
SDR 氧化性测定底物液 2	7-EC1.1.1.304sy2	2 mL	15 mL 棕色瓶
SDR 反应液	7-EC1.1.1.304r	30 mL	30 mL 本色瓶
250 μM 测定物标曲液	7-EC1.1.1.304sd	10 mL	15 mL 本色瓶
使用手册	7-EC1.1.1.304sc	1 份	无

运输及保存

低温运输，-20℃保存，有效期一年。

自备试剂

待测样品，样本溶解液，超纯水，蛋白浓度测定试剂盒，比色皿及与之匹配的分光光度计，96 孔板及与之匹配的分光光度计。

使用方法

一、制备待测样本

1. 用自选方式制备待测样本，记录下其总体积 V mL 便于后续计算酶比活性。待测样本的 pH 值最好在反应的最适 pH 附近，否则加入到反应中后可能会改变反应的 pH；待测样本中也不得含有高浓度的、在 340 nm 有光吸收的物质，不得含有能抑制 SDR 活性的成份，也不得含有能提高或降低测定物浓度的无关酶。

2. 预留 100 μL 待测样本（N 个样中随机取一个），100℃水浴 10 分钟灭活其中的酶，放冰上待用。此为酶阴性对照。如果酶耐热，不能热灭活，则用制备待测样本时所用的抽提液替代。
3. 用自备试剂测定待测样本的蛋白浓度，以备后续计算酶比活时使用。
4. 注意若样品酶活性过高，可用 SDR 反应液进行稀释，如 10 μL 原样本加 990 μL SDR 反应液后得到 100 倍稀释的样本进行测定。

二、标曲制备

5. 下面以制备 6 个浓度梯度的标曲液和 1 个空白对照为例。标记 0-6 号共 7 个 2 mL 离心管，并在 0-5 号管中加入 1 mL 第 1 步预留的 SDR 反应液，只 6 号管不加。
6. 在 6 号管中加入 1 mL 试剂盒提供的 250 μM 标曲液。
7. 在 5 号管中也加入 1 mL 试剂盒提供的 250 μM 标曲液，充分震荡 1 分钟。由于管中已经有 1 mL 反应液，故得 125 μM 标曲液。
8. 在 4 号管中加入 1 mL 5 号管中的标曲液，充分震荡 1 分钟，得 62.5 μM 标曲液。
9. 在 3 号管中加入 1 mL 4 号管中的标曲液，充分震荡 1 分钟，得 31.25 μM 标曲液
10. 重复上面的操作直到得到 1 号管的标曲液。0 号管对照管不需要加入 1 号管的标曲液。最后所得 0-6 号管中标曲液浓度分别为 0、7.81 μM、15.63 μM、31.25 μM、62.5 μM、125 μM、250 μM，各 1 mL，放 25℃预热待用。
11. 将分光光度计开机预热 30 分钟，然后用超纯水调零。
12. 测定 7 个标曲液在 340 nm 的光吸收（以下简称 A 值），每个样本测定三次。
13. 数据处理：计算 1-6 号每个样本的平均 A 值，然后用每个样本的 A 值减去 0 号空白对照的 A 值即得 6 个样本的真实 A 值。
14. 绘制标曲：以标曲液浓度（μM）为横轴，以 A 值为纵轴，绘制标准曲线并得到线性回归方程式 A = aC + b，C 为标曲液浓度，A 为 A 值。
15. 此公式可在后续测试中反复使用，但在后续实验时必须设置 1 个质检点标曲液随待测样本一起测试。质控点标曲液的制备同上，其浓度必须在上步所得标曲的线性范围内，最好异于制备标曲所用的 6 个浓度。如果质控点的测试结果代入上步回归方程式得到的计算浓度跟其配制浓度相差在 10%以内，则可将同组的待测样本 A 值代入公式直接计算其对应的 C 值。如果相差大于 10%，则不能用此方程式，需同步制备新的标曲，得到新的回归方程式，再用其计算待测样本的 C 值。

三、样本测定

16. 按下表设置酶反应。酶阳性对照可以在首次实验或遇到问题需要查找原因时才使用。

成分	还原性测定 阴性对照管	还原性测定 N 个样本管	氧化性测定 阴性对照管	氧化性测定 N 个样本管	质控点管

SDR 还原性测定底物液 1	960 μL	各 960 μL	不加	不加	不加
SDR 还原性测定底物液 2	20 μL	20 μL	不加	不加	不加
SDR 氧化性测定底物液 1	不加	不加	960 μL	各 960 μL	不加
SDR 氧化性测定底物液 2	不加	不加	20 μL	20 μL	不加
N 个待测样本	不加	各 20 μL	不加	各 20 μL	不加
酶阴性对照（来于第 2 步）	20 μL	不加	20 μL	不加	不加
质控点样本	不加	不加	不加	不加	各 1 mL

17. 快速混匀 30 秒后放 25℃并计时。如果仪器可以在线保温和自动连续测定，可以每 30 秒采集 1 次样本管 A 值共 10 分钟。如果仪器只能手动测定，则每 1 分钟测定 1 次样本管 A 值，测定后在返回 25℃继续保温。如此循环获得每个样本时间点的 A 值。标曲管直接测 340 nm 吸光度。

四、数据处理

18. 计算△A/min 测定值：以时间为横轴，以 A 值为纵轴，绘制反应速率曲线，然后选择线性区域的△A/min 为测定值。阴性对照也需要计算此值。
19. 计算△A/min 真实值=待测样本△A/min 测定值-阴性对照△A/min 测定值。
20. 将上步所得ΔA/min 真实值中的ΔA 值导入到回归方程式 A = aC 中，求出在 1 mL 反应体系中测定物每分钟的浓度变化值ΔC（μM）。
21. 由于酶反应体积为 1 mL，浓度单位为μM，故按 1 μM × 1 mL = 0.001 μmol 的换算关系即可计算出ΔC 对应的μmol 数，用 N μmol 表示。
22. 根据酶活性的定义（让测定物每分钟有 1 μmol 变化量所需的酶量），故反应体系中的酶活性单位数为 N。反应体积为 1 mL，故反应体系中酶浓度为 N 单位/1 mL = N 单位/mL。
23. 计算样本中的酶浓度：由于反应体系中的酶是待测样本中的酶稀释 50 倍而得（20 μL 样本加入到 1 mL 反应系统中），故样本中酶的浓度 = 50*N 单位/mL。
24. 计算样本的酶比活性：样本总体积（V mL，第 4 步）× 酶浓度（50 N 单位/mL，上步）= 样本总酶单位数（50 NV）。样本总体积 × 蛋白浓度（第 6 步）= 样本总蛋白量（单位一般转换成 mg）。待测样本中的酶比活 = 50 NV/总蛋白量（单位/mg）。

五、96 孔板检测

25. 操作同上，只是在设置反应时，各成份的用量需要×25%；在计算时，需将 1 mL 的反应体积改成 0.25 mL，需将 1 cm 的光径改成所用 96 孔板的光径（需询问 96 孔板厂家）。

附：消光系数法

在大规模筛选时，如果知道测定物的消光系数，还可以选择更加快捷、不需要制备标曲的消光系数法测定酶活性。但由于得到测定物消光系数所用的缓冲体系跟本实际盒酶测定所用的反应体系不同，故结果可能有误差较。用户如果选择使用消光系数法，建议先用两种方法同时测定一个样本。如果结果差异大，则只能使用标曲法。如果差异可以接受，则可使用消光系数法。在操作上，两法的差异是从样本测定开始，故此处略去样本测定前的操作步骤。

六、消光系数法的样本测定

26. 按下表设置反应。酶阳性对照可以在首次实验或遇到问题需要查找原因时才使用。

成分	还原性测定阴性对照管	还原性测定 N 个样本管	氧化性测定阴性对照管	氧化性测定 N 个样本管
SDR 还原性测定底物液 1	960 μL	各 960 μL	不加	不加
SDR 还原性测定底物液 2	20 μL	20 μL	不加	不加
SDR 氧化性测定底物液 1	不加	不加	960 μL	各 960 μL
SDR 氧化性测定底物液 2	不加	不加	20 μL	20 μL
N 个待测样本	不加	各 20 μL	不加	各 20 μL
酶阴性对照（来于第 2 步）	20 μL	不加	20 μL	不加

27. 快速混匀 30 秒后放 25℃并计时。如果仪器可以在线保温和自动连续测定，可以每 30 秒采集 1 次样本管 A 值共 10 分钟。如果仪器只能手动测定，则每 1 分钟测定 1 次样本管 A 值，测定后在返回 25℃继续保温。如此循环获得每个样本时间点的 A 值。标曲管直接测 340 nm 吸光度。

七、数据处理

28. 计算△A/min 测定值：以时间为横轴，以 A 值为纵轴，绘制反应速率曲线，然后选择线性区域的△A/min 为测定值。阴性对照也需要计算此值。

29. 计算△A/min 真实值=待测样本△A/min 测定值-阴性对照△A/min 测定值。

30. 将△A 换算成每分钟测定物浓度变化值：根据朗伯-比尔定律，A = εlC = 消光系数*光径*浓度，故测定物浓度变化值△C = △A/εl。测定物消光系数ε = X/cm*M，比色皿光径为 1 cm，故测定物浓度变化值△C = △A/[（X/cm*M）*1cm] =（△A M/X）。由于 M = mol/L，故△C =（△A mol/X L) =（△A mmol/X mL) =（△A *1000 μmol/X mL) = 1000△A/X（单位为 μmol/mL）。

31. 酶反应体积为 1 mL，故在反应体系里测定物每分钟浓度变化值 = △C μmol/mL*1 mL = △C μmol = 1000△A/X μmol。

	32. 根据酶活性的定义（让测定物每分钟有 1 μmol 变化量所需的酶量），可知反应体系中酶单位数 = 1000△A/X。将本试剂盒所用测定物的消光系数为 6220/cm*M，将此数代入上式即得具体数值。 33. 计算样本中的酶浓度：由于反应体系中的酶是待测样本中的酶稀释 50 倍而得（20 μL 样本加入到 1 mL 反应系统中），故样本中酶的浓度 = 50*N 单位/mL。 34. 计算样本的酶比活性：样本总体积（V mL，第 4 步）× 酶浓度（50 N 单位/mL，上步）= 样本总酶单位数（50 NV）。样本总体积 × 蛋白浓度（第 6 步）= 样本总蛋白量（单位一般转换成 mg）。待测样本中的酶比活 = 50 NV/总蛋白量（单位/mg）。 **八、96 孔板检测** 35. 操作同上，只是在设置反应时，各成份的用量需要×25%。在计算时，需将 1 mL 的反应体积改成 0.25 mL，需将 1 cm 的光径改成所用 96 孔板的光径（需询问 96 孔板厂家）。
关联产品	双乙酰还原酶[(S)-乙偶姻形成]抽提试剂盒