**Zadání úloh z předmětu Charakterizace proteinů hmotnostní spektrometrií – cvičení (C7350)**

Provedte identifikaci ve proteinů pomoci databázového prohledávače Mascot

[Access Mascot for free | Protein identification software for mass spec data (matrixscience.com)](https://www.matrixscience.com/search_form_select.html)

Pozn. Nutno zadat nazev i e-mailovou adresu

**Úkol 1 – peptidové mapování**

Peptide Mass Fingerprint

Soubor – ukol1.mgf

Podmínky prohledávání:

Databáze – Swissprot

Enzym – Trypsin Missed cleavages – 1

Variable modification – Oxidation(M)

Peptide tolerance – 200 ppm

Zaslete mi seznam signifikantne identifikovaných proteinů.

**Úkol 2 – MS/MS data**

MS/MS ion search

Soubor – ukol2.mgf

Podminky prohledavani:

Databáze – Swissprot

Enzym – Trypsin Missed cleavages – 1

Variable modification – Oxidation(M)

Peptide tolerance – 1.0 Da MS/MS tol. – 0,6 Da

Naboj peptidu – 2+ and 3+

Typ stroje – ESI-TRAP

Zaslete mi jmeno 1. signifikantne identifikovaného proteinu v seznamu, který není podle Vas kontaminanta.