

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

Provedte identifikaci ve proteinů pomoci databázového prohlédávače Mascot

[Access Mascot for free | Protein identification software for mass spec data \(matrixscience.com\)](#)

Pozn. Nutno zadat název 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

Podmínky prohledávání:

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 jméno 1. signifikantne identifikovaného proteinu v seznamu, který není podle Vas kontaminanta.