

# Microbial RNA Pull-down Kit

货号：NR3133C

|                 |   |
|-----------------|---|
| 1. 产品介绍.....    | 1 |
| 2. 试剂盒操作流程..... | 2 |
| 3. 实验前准备.....   | 3 |
| 4. 试剂盒操作步骤..... | 5 |
| 5. 产品注意事项.....  | 6 |
| 6. 常见问题.....    | 6 |

## 1. 产品介绍

本试剂盒为研究 RNA-蛋白质相互作用 (RNA-Protein Interaction, RPI) 提供高效、可靠的解决方案。该技术以目的 RNA 序列为中心，特异性捕获并鉴定与其相互作用的蛋白质。试剂盒以目的 RNA 片段为模板，合成生物素标记的特异性 RNA 探针。生物素标记的 RNA 探针通过高亲和力结合到预偶联在磁珠表面的链霉亲和素 (Streptavidin) 上。将固定有 RNA 探针的磁珠与含有潜在互作蛋白的提取液（如细胞裂解液）在适当条件下孵育，使目的 RNA 与其结合蛋白发生特异性结合，形成磁珠-链霉亲和素-生物素-RNA 探针-蛋白复合物。通过多次严格洗涤，有效去除未结合或非特异性结合的游离蛋白质及其他杂质。本试剂盒采用两种洗脱方式，变性洗脱和非变性/温和洗脱 可选）。洗脱得到的蛋白质可通过 Western Blot (WB) 验证特定目标蛋白，或通过质谱分析 (MS) 进行高通量鉴定。本产品应用范围广，可应用于各类微生物样品的 RNA 与蛋白结合的 RNA Pull down 实验，具体组分见表 1。

### 产品优势：

高特异性：链霉亲和素-生物素系统提供超高亲和力结合，确保探针高效固定与复合物稳定性。

高灵敏度：优化的缓冲体系与磁珠分离技术，有效富集低丰度互作蛋白。

操作便捷：基于磁珠分离技术，操作快速简单，易于实现高通量。

兼容性广：适用于多种样本来源（细胞、组织、植物等）的蛋白质提取液。

下游应用灵活：洗脱蛋白兼容 Western Blot 及质谱（MS）等高通量鉴定技术。

表 1. Microbial RNA Pull-down Kit 组分

| 名称                          | 12 Tests 规格 | 24 Tests 规格 | 储存条件     |
|-----------------------------|-------------|-------------|----------|
| Streptavidin Magnetic Beads | 500 $\mu$ L | 1 mL        | 4℃，1 年   |
| Lysis Buffer                | 7 mL        | 14 mL       | 4℃，1 年   |
| NT2 Buffer                  | 15 mL       | 32 mL       | 4℃，1 年   |
| RNA Structure Buffer        | 650 $\mu$ L | 1.3 mL      | 4℃，1 年   |
| Wash Buffer                 | 32 mL       | 64 mL       | 4℃，1 年   |
| Elution Buffer              | 650 $\mu$ L | 1.3 mL      | -20℃，1 年 |
| Protease inhibitor          | 230 $\mu$ L | 460 $\mu$ L | -20℃，1 年 |
| RNase inhibitor             | 65 $\mu$ L  | 130 $\mu$ L | -20℃，1 年 |

**请注意，本试剂盒不包含所有必需试剂/耗材，请参照清单另行准备：**

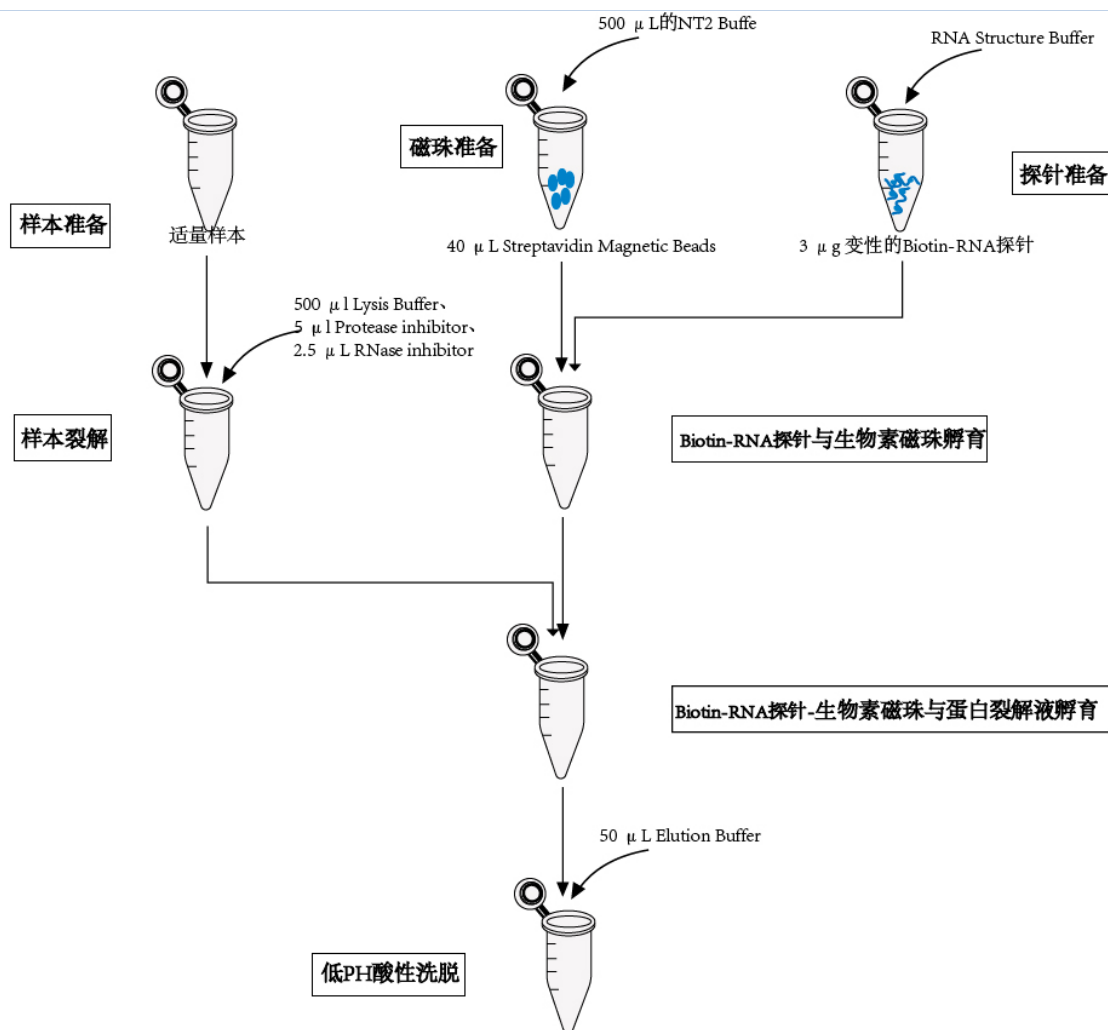
所需试剂：① RNA 探针；② PBS 缓冲液；③ RNase-free 水；④ RNA 纯化试剂盒（RNeasy Mini Kit）

所需仪器：① 超声仪（用于裂解样本）；② 低温离心机；③ 混匀仪；④ 磁力架；⑤ 无 RNase 的实验材

料：如离心管、枪头等。

*\* 注意：Biotin-RNA 探针可通过公司定制或自行制备,如需自行制备，制备方法可参考以下 3.2 的实验方法。*

## 2. 试剂盒操作流程图



### 3. 实验前准备

\* 注意：以下样本收集量均为 1 组的建议用量，设计多组实验，样本量请按照实际使用量配置。如设计实验组和对照组，则需收集建议量的 2 倍，以此类推。

#### 3.1 样本收集

将微生物样本悬液转移至样品管中离心，去除上清培养基，再用 RNase-free PBS 清洗三次，清洗干净后，4 °C 5000 g 离心 5 min 收集沉淀，将微生物沉淀转移至 1.5ml 的 EP 管中，样本量不低于 50  $\mu$ L 菌体沉淀。

#### 3.2 RNA 探针制备

##### 3.2.1 实验试剂

- 目的基因质粒/PCR
- 正义链和反义链的 T7 引物

- T7 体外转录试剂盒
- DNA 凝胶回收试剂盒
- 生物素 RNA 标记混合物 (Biotin RNA labeling Mix)
- RNA 纯化试剂盒 (RNeasy Mini Kit)

### 3.2.2 实验方法

\* 注意：由于 RNA 容易降解，建议在 RNA Pull down 实验当天或前一天进行体外转录实验。

(1) 根据目标 RNA 序列设计含 T7 启动子 (TAATACGACTCACTATAGGG) 的引物

| 探针类型  | 引物名称     | 引物序列                                  |
|-------|----------|---------------------------------------|
| 正义链探针 | 正义链-上游引物 | 5'- TAATACGACTCACTATAGGG+目的基因上游引物-3'  |
|       | 正义链-下游引物 | 5'- 目的基因下游引物 -3'                      |
| 反义链探针 | 反义链-上游引物 | 5'- 目的基因上游引物 -3'                      |
|       | 反义链-下游引物 | 5'- TAATACGACTCACTATAGGG+目的基因下游引物 -3' |

(2) 以目的基因的质粒/PCR 产物为模板，PCR 分别获得 T7-正义链和 T7-反义链的 RNA 转录模板，按照 DNA 凝胶回收试剂盒说明书要求回收纯化目标 DNA。

(3) 以上述 DNA 为模板，按照自备的 RNA 体外转录试剂盒说明书配置反应体系，以 Invitrogen 货号为 AM1344 的 T7 体外转录试剂盒 mMESSAGE mMACHINE® Kit 为例，配置以下体系：

| 组分                           | 用量          |
|------------------------------|-------------|
| 10*Reaction Buffer           | 2 μL        |
| 10*Biotin RNA labeling Mix   | 2 μL        |
| DNA 模板                       | 0.5 μg      |
| T7 RNA Polymerase Enzyme Mix | 2 μL        |
| RNase-free H <sub>2</sub> O  | Up to 20 μL |

37°C 孵育 2 h，再加入 1 μL DNase I，37°C 孵育 15 min 将 DNA 模板消化，得到正义和反义 RNA。

\* 注意：该体系和步骤可能因转录试剂盒的不同而有所差别，请务必根据试剂盒说明书操作。

(3) 根据 RNA 纯化试剂盒说明书操作去除 RNA 产物中游离的生物素 UTP；

(4) 取 2 μL 对 RNA 检测浓度；取 1~2 μL RNA 进行 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 RNA 质量和长度；符合要求的 RNA 置于 -80°C 保存或直接用于后续实验。

---

## 4. 试剂盒操作步骤

\* 注意：以下操作均为 1 组用量，设计多组样本，试剂用量请按照实际使用量配置。如设计实验组和对照组，则为操作说明用量的 2 倍，以此类推。

### 4.1 蛋白提取

(1) 样本加入 500  $\mu\text{L}$  预冷的 Lysis Buffer、5  $\mu\text{L}$  Protease inhibitor（按 1:100 添加）和 2.5  $\mu\text{L}$  RNase inhibitor（按 1:200 添加），吹打混匀。

(2) 冰上超声破碎至溶液基本澄清。

(3) 于 4  $^{\circ}\text{C}$  12000 g 离心 15 min，收集上清至新的无 RNase 离心管中，-80 $^{\circ}\text{C}$  保存。收集得到的样本可取 30  $\mu\text{L}$  作为 input，剩余用于 RNA Pull down 实验。

\* 注意：当样本不能完全裂解时（溶液很浑浊），可以适当增加裂解缓冲液的用量继续裂解。根据经验，提取到的样本蛋白浓度通常不低于 5  $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ ，总量约 2~3 mg。如果样本中目标蛋白丰度较低，或结合物间的结合较弱，也可以增加初始样本量。裂解缓冲液的最小使用体积为 300  $\mu\text{L}$ ，当样本量增加时，裂解液缓冲液和抑制剂可等比例增加，但总孵育体积最大不超过离心管体积的 2/3。超声条件因样本类型和超声设备而异，可提前摸索合适的条件。

### 4.2 漂洗液准备

取出 10 mL 离心管，加入 2.5 mL Wash Buffer、12.5  $\mu\text{L}$  Protease inhibitor（蛋白酶抑制剂与漂洗液按 1:200 添加）和 1.25  $\mu\text{L}$  RNase inhibitor（RNase 抑制剂与漂洗液按 1:2000 添加），混合均匀，冰上保存，现配现用。

### 4.3 磁珠准备

a. 每组实验取 40  $\mu\text{L}$  的 Streptavidin Magnetic Beads 新的无 RNase 离心管中，加入 500  $\mu\text{L}$  的 NT2 Buffer，颠倒混匀 30 次，放磁力架上静置 1 min 使磁珠全部吸附于磁力架，弃上清。

b. 再次加入 500  $\mu\text{L}$  的 NT2 Buffer，颠倒混匀 30 次，放磁力架上静置 1 min 使磁珠全部吸附于磁力架，弃上清。

c. 加入 200  $\mu\text{L}$  的 NT2 Buffer，上下颠倒重悬磁珠。

### 4.4 RNA Pull down

(1) 将 3  $\mu\text{g}$  RNA 探针 95 $^{\circ}\text{C}$  变性 3 min，冰浴 1 min，短暂离心甩下管壁液体，向管中加入 50  $\mu\text{L}$  RNA Structure Buffer，室温放置 30 min。

---

(2) 将 RNA 探针加入**步骤 4.3 制备**的磁珠中，放混匀仪上室温孵育 30 min；放磁力架上静置 1 min 并弃上清。

(3) 加入 500  $\mu$ L **步骤 4.2 制备**的漂洗液，颠倒混匀 30 次，放磁力架上静置 1 min 并弃上清；重复该漂洗操作一次。

(4) 加入**步骤 4.1 制备**的样本裂解液，放混匀仪上 4  $^{\circ}$ C 孵育 2~4 h；放磁力架上静置 1 min 并弃上清。

(5) 加入 500  $\mu$ L **步骤 4.2 制备**的漂洗液，颠倒混匀 30 次，放磁力架上静置 1 min 并弃上清；重复该漂洗操作两次。

#### 4.5 洗脱

(1) 加入 50  $\mu$ L Elution Buffer，涡旋震荡 20 s，放混匀仪上室温洗脱 10~15 min，涡旋震荡 20 s。

(7) 1000 g 离心 20 s，放磁力架上静置 1 min，收集上清至新的离心管中，-80 $^{\circ}$ C 保存，或直接用于 Western-blot、SDS-PAGE 或质谱实验。

\* 注意：RNA pull-down 捕获的蛋白量通常较少，因此 SDS-PAGE 建议用硝酸银染色而非考马斯亮蓝染色。

#### 5. 产品注意事项

- 在进行实验设计时，建议加入对照组，方便后续实验结果分析。
- 请务必使用无 RNase 的实验材料：如离心管、枪头等。
- 样本或蛋白量较少，可通过提高样本用量或更换和蛋白提取试剂盒进行蛋白提取。
- 请勿使磁珠干燥、冷冻或剧烈涡旋，会导致磁珠聚集而降低结合能力。
- 经煮沸后会导致磁珠聚集并且失去抗体结合能力，经煮沸的磁珠不应再次使用。
- 为了您的安全和健康，请穿实验服并戴一次性手套操作。

#### 6. 常见问题

**Q: 获得的复合产物少的原因有哪些？怎么解决呢？**

- (1) 样本或蛋白量较少，可通过提高样本用量或更换和蛋白提取试剂盒进行蛋白提取；
- (2) 孵育时间较短，可延长孵育时间，但需要注意孵育时间过长也可能会导致非特异性结合增多；
- (3) RNA 探针量较少，可提高 RNA 探针用量

---

**Q: 非特异结合蛋白较多，怎么解决呢？**

要想减少非特异性的蛋白结合在磁珠上，可通过增加漂洗时间和次数来减少非特异结合。

**Q：通过 pull-down 后银染验证发现，没有想要的目的条带？**

- (1) 样品被蛋白酶降解,对应的策略是需要添加蛋白酶抑制剂,所有操作保持 4℃ 以下冰上操作并防止反复冻融。
- (2) 银染主要还是起到质控作用，以评估整个实验操作过程是否异常，比如评估拉下的复合体含量情况，不能决定质谱鉴定的结果，建议以质谱结果为准。