



Ni NTA Beads HF

目录

1. 产品介绍.....	1
2. 纯化流程.....	2
3. 在位清洗.....	4
4. 填料再生.....	5
5. 问题及解决方案.....	5
6. 订购信息及相关产品.....	5

1. 产品介绍

Ni NTA Beads HF 是一种新型固定化金属离子亲和层析 (IMAC) 介质, 整合有非常牢固的 Ni 离子 (产品结构见图 1 所示), 具体性能见表 1。Ni NTA Beads HF 是高刚性的琼脂糖微球基质, 较传统工艺可以耐受更高的流速并提供更高的化学稳定性, 广泛用于生物制药和生物工程下游蛋白质和多肽的分离纯化。

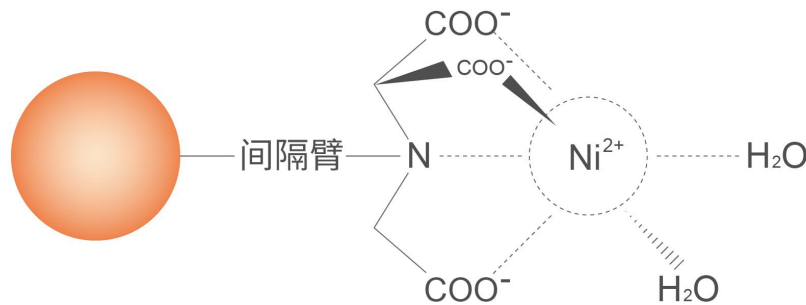


图 1. Ni NTA Beads HF 化学结构示意图

表 1. Ni NTA Beads HF 产品性能

项目	性能
基质	高流速琼脂糖微球
离子载量	20-30 $\mu\text{mol Ni}^{2+}/\text{ml}$ 介质
微球粒径	85-95 μm
最大压力	0.3 MPa, 3 bar
流速*	$\leq 600 \text{ cm/h}$
储存缓冲液	20%乙醇 (2%苯甲醇可选)
储存温度	4-30 $^{\circ}\text{C}$

*: 层析柱 50×500 mm, 柱高 25 cm, 25 $^{\circ}\text{C}$ 去离子水在 0.3 MPa 时的线性流速。

表 2. Ni NTA Beads HF 试剂耐受情况

试剂种类	浓度
还原剂	5mM DTE
	1mM DTT
	20 mM β -mercaptoethanol
	5 mM TCEP
	10 mM reduced glutathione
变性剂	8 M urea
	6 M Gua-HCl
去污剂	2% Triton™ X-100 (nonionic)
	2% Tween™ 20 (nonionic)
	2% NP-40 (nonionic)
	2% Cholate (anionic)
	1% CHAPS (zwitterionic)





表 2. Ni NTA Beads HF 试剂耐受情况 (续表)

试剂种类	浓度
其他类	500 mM imidazole 20% ethanol 50% glycerol 100 mM Na ₂ SO ₄ 1.5 M NaCl 1 mM EDTA 60 mM citrate

注: 如果溶液中含有上述两种以上的试剂, 介质的耐受性能可能会进一步下降。

2. 纯化流程

2.1 缓冲液的准备

可使用下列推荐缓冲液, 也可根据自己的使用习惯配置不同的缓冲液体系, 基本原理就是低咪唑上样, 高咪唑洗脱, 或者高 pH 上样, 低 pH 洗脱。

所有水和缓冲液在使用前建议用 0.22 μm 或者 0.45 μm 滤膜过滤。因为 Ni NTA Beads HF 可以用于可溶蛋白和包涵体蛋白的纯化, 两种方法所需缓冲液不同。具体配置方法见表 3、表 4 和表 5。

表 3. 可溶性组氨酸标签蛋白纯化所需缓冲液及配方

名称	体积	配方
Lysis Buffer	1 L	50 mM NaH ₂ PO ₄ (7.80 g NaH ₂ PO ₄ ·2H ₂ O) 300 mM NaCl (17.54 g NaCl) 10 mM imidazole (0.68 g imidazole) 使用 NaOH 溶液调节 pH 至 8.0, 使用 0.22 或者 0.45 μm 滤膜过滤。
Wash Buffer	1 L	50 mM NaH ₂ PO ₄ (7.80 g NaH ₂ PO ₄ ·2H ₂ O) 300 mM NaCl (17.54 g NaCl) 20 mM imidazole (1.36 g imidazole) 使用 NaOH 溶液调节 pH 至 8.0, 使用 0.22 或者 0.45 μm 滤膜过滤。
Elution Buffer	1 L	50 mM NaH ₂ PO ₄ (7.80 g NaH ₂ PO ₄ ·2H ₂ O) 300 mM NaCl (17.54 g NaCl) 250 mM imidazole (17.0 g imidazole) 使用 NaOH 溶液调节 pH 至 8.0, 使用 0.22 或者 0.45 μm 滤膜过滤。

表 4. 包涵体组氨酸标签蛋白纯化所需缓冲液及配方, pH 洗脱方式

名称	体积	配方
Lysis Buffer	1 L	8 M Urea (480.50 g urea) 100 mM NaH ₂ PO ₄ (15.60 g NaH ₂ PO ₄ ·2H ₂ O) 100 mM Tris-HCl (15.76 g Tris-HCl) 使用 HCl 溶液调节 pH 至 8.0, 使用 0.22 或者 0.45 μm 滤膜过滤。
Wash Buffer	1 L	8 M Urea (480.50 g urea) 100 mM NaH ₂ PO ₄ (15.60 g NaH ₂ PO ₄ ·2H ₂ O) 100 mM Tris-HCl (15.76 g Tris-HCl) 使用 HCl 溶液调节 pH 至 6.3, 使用 0.22 或者 0.45 μm 滤膜过滤。
Elution Buffer	1 L	8 M Urea (480.50 g urea) 100 mM NaH ₂ PO ₄ (15.60 g NaH ₂ PO ₄ ·2H ₂ O) 100 mM Tris-HCl (15.76 g Tris-HCl) 使用 HCl 溶液调节 pH 至 4.5, 使用 0.22 或者 0.45 μm 滤膜过滤。

表 5. 包涵体组氨酸标签蛋白纯化所需缓冲液及配方, 咪唑洗脱方式

名称	体积	配方
Lysis Buffer	1 L	8 M Urea (480.50 g urea) 50 mM NaH ₂ PO ₄ (7.80 g NaH ₂ PO ₄ ·2H ₂ O) 300 mM NaCl (17.54 g NaCl) 10 mM imidazole (0.68 g imidazole) 使用 NaOH 溶液调节 pH 至 8.0, 使用 0.22 或者 0.45 μm 滤膜过滤。





表 5. 包涵体组氨酸标签蛋白纯化所需缓冲液及配方, 咪唑洗脱方式 (续表)

名称	体积	配方
Wash Buffer	1 L	8 M Urea (480.50 g urea) 50 mM NaH ₂ PO ₄ (7.80 g NaH ₂ PO ₄ ·2H ₂ O) 300 mM NaCl (17.54 g NaCl) 20 mM imidazole (1.36 g imidazole) 使用 NaOH 溶液调节 pH 至 8.0, 使用 0.22 或者 0.45 μm 滤膜过滤。
Elution Buffer	1 L	8 M Urea (480.50 g urea) 50 mM NaH ₂ PO ₄ (7.80 g NaH ₂ PO ₄ ·2H ₂ O) 300 mM NaCl (17.54 g NaCl) 250 mM imidazole (17.0 g imidazole) 使用 NaOH 溶液调节 pH 至 8.0, 使用 0.22 或者 0.45 μm 滤膜过滤。

2.2 样品准备

2.2.1 细菌或酵母表达的蛋白

- 1) 挑取单菌落到培养基中, 根据载体使用说明, 加入相应浓度的诱导剂诱导相应的时间。
- 2) 表达结束后, 将培养液转移到离心杯中, 7,000 rpm (7,500×g), 离心 15 min 收集菌体, 然后按照菌体: Lysis Buffer=1: 10 (W/V) 加入 Lysis Buffer, 加入终浓度为 1 mM 的 PMSF。加入溶菌酶 (工作浓度为 0.2-0.4 mg/ml, 如果表达的宿主细胞内含 pLysS 或 pLysE, 可以不加溶菌酶), (同时也可加入其他蛋白酶抑制剂, 但不能影响目的蛋白与介质的结合)。
- 3) 将菌体沉淀悬浮起来, (如果菌液浓度高, 也可考虑加入 10 μg/ml RNase A 和 5 μg/ml DNase I), 混匀, 放置于冰上, 然后冰上超声破碎细胞, 至菌液基本保持澄清。
- 4) 将澄清的破碎液转移至离心管中, 10,000 rpm (15,000×g), 4℃离心 20-30 min。取上清, 置于冰上备用或-20℃保存。

2.2.2 酵母、昆虫和哺乳细胞分泌表达可溶性蛋白

- 1) 将细胞培养液转移至离心杯, 5,000 rpm (3,800×g), 离心 10 min, 收集菌体得上清, 如上清中不含 EDTA、组氨酸和还原剂等物质, 即可直接加入柱子使用; 如含有 EDTA、组氨酸和还原剂等物质, 需用 Lysis Buffer 透析才能加入柱子。
- 2) 对于大量体积的上清, 需加入硫酸铵沉淀浓缩后, 蛋白还需用 Lysis Buffer 透析后才能加入柱子。

2.2.3 包涵体蛋白纯化(变性条件)

- 1) 将培养液转移到离心杯中, 7,000 rpm (7,500×g), 离心 15min 收集菌体, 去掉上清。
- 2) 按照菌体:Lysis buffer (不含 8 M 尿素) =1: 10 (W/V) 将菌体悬浮起来混匀, 冰浴超声破碎。
- 3) 将破碎液转移至离心管中, 10,000 rpm (15,000×g), 4℃离心 20-30 min。去掉上清, 步骤 2 和 3 可以重复一次。
- 4) 按照菌体: Lysis buffer (含 8 M 尿素) =1: 10 (W/V) 将包涵体悬浮起来。
- 5) 变性条件下进行 His 标签蛋白纯化, 具体缓冲液配方见表 4、表 5。

2.3 Ni NTA Beads HF 的装填

2.3.1 重力柱的装填

- 1) 取合适规格的重力层析柱, 装入下垫片, 加入适量纯水润洗柱管和垫片, 关闭下出口。
- 2) 将 Ni NTA Beads HF 混合均匀, 用枪头吸取适量浆液加入至重力柱中 (介质实际体积占悬液的一半), 打开下出口流干保护液。
- 3) 加入适量纯水冲洗介质, 待柱管中液体重力流干后, 关闭下出口。
- 4) 装入润洗后的上垫片, 确保垫片与填料之前没有空隙, 且保持水平。
- 5) 装填好的重力柱可以直接加入平衡液进行平衡, 暂不使用时加入保护液, 4-30℃保存。

2.3.2 中压层析柱的装填

Ni NTA Beads HF 被广泛应用于工业纯化, 因此, 涉及到各种中压色谱层析柱的装填, 下面介绍 Ni NTA Beads HF 装填层析柱的方法。

装柱前根据层析柱直径计算柱子底面积, 根据所需装柱高度计算所需介质体积, 公式如下:

$$V = 1.15\pi r^2 h$$

V: 所需介质体积 ml

1.15: 压缩系数

r: 柱管半径 cm

h: 装填高度 cm

注意: 所取悬液体积应为介质体积的两倍, 因为介质体积只占悬液总体积的一半, 另一半为保护液。

- 1) 用去离子水冲洗层析柱底筛板与接头, 确保柱底筛板上无气泡, 关闭柱底出口, 并在柱底部留出 1-2 cm 的去离子水。
- 2) 将介质悬浮起来, 小心的将浆液连续地倒入层析柱中。用玻璃棒沿着柱壁倒入浆液可减少气泡的产生。
- 3) 如果使用储液器, 应立即在层析柱和储液器中加满水, 将进样分配器放置于浆液表面, 连接至泵上, 避免在分配器或进样管中产生气泡。





- 4) 打开层析柱底部出口, 开启泵, 使其在设定的流速下进行。最初应让缓冲液缓慢流过层析柱, 然后缓慢增加至最终流速, 这样可避免液压对所形成柱床的冲击, 也可以避免柱床形成的不均匀。如果达不到推荐的压力或流速, 可以用你所使用泵的最大流速, 这样也可以得到一个很好的装填效果。(注意: 在随后的色谱程序中, 不要超过最大装柱流速的 75%) 当柱床高度稳定后, 在最后的装柱流速下至少再上 3 倍柱床体积的去离子水。标上柱床高度。
- 5) 关闭泵, 关闭层析柱出口。
- 6) 如果使用储液器, 去除储液器, 将分配器置于层析柱中。
- 7) 将分配器推向柱子至标记的柱床高度处。允许装柱液进入分配器, 锁紧分配器接头。
- 8) 将装填好的层析柱连接至泵或色谱系统中, 开始平衡。如果需要可以重新调整分配器。

2.4 样品纯化流程

2.4.1 孵育法纯化

- 1) 根据纯化的样品量, 取适量 **Ni NTA Beads HF** 加入离心管中, 1000 rpm 离心 1 min, 吸弃上清; 也可加入重力柱中, 流干保护液。
- 2) 向离心管中加入 5 倍介质体积的 Lysis Buffer 清洗介质, 1000 rpm 离心 1 min, 吸弃上清; 如使用重力柱, 则直接在重力柱中清洗, 直接重力流干 Lysis Buffer; 重复两次以上。
- 3) 加入样品, 封闭离心管或重力柱管, 4°C 振荡孵育 2-4 h 或者 37°C 孵育 30 min-2 h。
- 4) 孵育结束后, 1000 rpm 离心 1 min, 吸弃上清, 或过滤收集介质, 上清保留作为流穿, 用于电泳鉴定。
- 5) 用 5 倍介质体积的 Wash Buffer 清洗介质, 1000 rpm 离心 1 min 或重力柱管过滤, 去除上清 (注意不要吸到介质), 重复 3-5 次, 中间建议更换新离心管。必要时可以调整咪唑的浓度进行洗杂。
- 6) 加入 3-5 倍柱体积的 Elution Buffer 进行洗脱, 室温孵育 10-15 min, 1000 rpm 离心 1 min 或重力柱管收集洗脱液, 可重复 2-3 次。

2.4.2 重力柱法纯化

- 1) 将装填好的 **Ni NTA Beads HF** 重力柱用 5 倍柱体积 Lysis Buffer 进行平衡, 使填料处于与目的蛋白相同的缓冲液体系下, 重复 2-3 次。
- 2) 将样品加到平衡好的重力柱中, 样品保留时间至少 2 min, 保证样品和介质充分接触, 收集流出液, 可以反复上样增加结合效率。
- 3) 用 10-15 倍柱体积的 Wash Buffer 进行洗杂, 去除非特异性吸附的杂蛋白, 收集洗杂液。必要时可以调整咪唑的浓度进行洗杂。
- 4) 使用 5-10 倍柱体积的 Elution Buffer 洗脱, 分段收集, 每一个柱体积收集一管, 分别检测, 既可以保证所有结合的目的蛋白被洗脱, 又可以得到高纯度和高浓度的蛋白。

2.4.3 中压层析柱法纯化

Ni NTA Beads HF 装填好后, 可以用各种常规的中低压色谱系统。

- 1) 将泵管道中注满去离子水。去掉上塞子, 将层析柱连接至色谱系统中, 打开下出口, 将预装柱接到色谱系统中, 并旋紧。
- 2) 用 3-5 倍柱体积的去离子水冲洗出储存缓冲液。
- 3) 使用至少 5 倍柱床体积的 Lysis Buffer 平衡色谱柱。
- 4) 利用泵或样品环上样。注: 样品的粘度增加使得即使上样体积很少, 也会导致层析柱很大的反压。上样量不要超过柱子的结合能力。大量的样品体积也可能造成很大的反压, 使得进样器更难使用。
- 5) 用 Wash Buffer 冲洗柱子, 直到紫外吸收达到一个稳定的基线 (一般至少 10-15 个柱体积)。注: 在样品和结合缓冲液中加入咪唑可以提高样品纯度。
- 6) 用 Elution Buffer 采用一步法或线性梯度洗脱。一步洗脱中, 通常 5 倍柱体积洗脱液就足够了。梯度洗脱可以用一个小的梯度, 例如 20 倍柱体积或更多, 来分离不同结合强度的蛋白质。

上述步骤介质洗脱结束后, 先用 Lysis Buffer 冲洗 3 倍柱体积, 然后用纯水冲洗 5 倍柱体积, 再用储存缓冲液冲洗 2 个柱体积, 然后将介质置于 2-8°C 保存。

2.5 SDS-PAGE 检测

将使用纯化产品得到的样品 (包括流出组分、洗杂组分和洗脱组分) 以及原始样品使用 SDS-PAGE 检测纯化效果。

3. 在位清洗

当填料使用过程中发现反压过高或者填料上面出现明显的污染时, 需要进行在位清洗操作 (Cleaning-in-Place, CIP)。

建议按照下面操作去除填料上残留的污染物, 如沉淀蛋白、疏水蛋白和脂蛋白等。

去除强疏水结合的蛋白, 脂蛋白和脂类

通过使用 30% 异丙醇清洗 5-10 个柱体积, 接触时间为 15-20 min 可以去除此类污染物。然后, 再使用 10 倍柱体积的去离子水清洗。也可以选择使用含有去污剂的酸性或碱性溶液, 清洗填料 2 倍柱体积。例如, 含有 0.1-0.5% 非离子去污剂的 0.1 M 醋酸溶液, 接触时间为 1-2 h。去污剂处理后, 需要使用 70% 的乙醇清洗 5 个柱体积, 以彻底去除去污剂。最后使用 10 倍柱体积的去离子水清洗。

去除离子作用结合的蛋白

使用 1.5 M NaCl 溶液清洗 10-15 min。然后, 再使用去离子水清洗 10 个柱体积。





4. 填料再生

组氨酸标签蛋白亲和纯化填料所带的镍离子不需要经常螯合去除和重新挂镍离子。当填料使用过程中发现颜色变浅, 或者填料载量明显变低时, 需要对填料进行镍离子剥离和重新挂镍离子, 也就是填料再生。将填料装填在合适的层析柱内, 按照下面操作流程进行镍离子剥离和重新挂镍离子。

- 1) 使用 5 倍柱体积去离子水清洗填料;
- 2) 使用 5 倍柱体积 100 mM EDTA (pH 8.0) 剥落镍离子;
- 3) 使用 10 倍柱体积去离子水清洗填料;
- 4) 使用 0.5 M NaOH 清洗 5 倍柱体积, 停留 10-15 min;
- 5) 使用去离子水清洗填料, 直至 pH 中性;
- 6) 使用 3-5 倍柱体积 100 mM NiSO₄ 再生挂镍;
- 7) 使用 10 倍柱体积去离子水清洗;

填料再生后, 可以立即使用, 如不立即使用, 需要将填料悬浮于等体积的储存缓冲液中, 置于 4-30℃ 保存。

5. 问题及解决方案

问题	原因分析	推荐解决方案
柱子反压过高	填料被堵塞	按照第 3 部分对填料进行在位清洗。 裂解液中含有微小的固体颗粒, 建议上柱前使用滤膜 (0.22 或 0.45 μm) 过滤, 或者离心去除。
	样品太粘稠	样品中含有高浓度的核酸, 加长破碎时间直至粘度降低, 或者添加 DNase I (终浓度 5 μg/ml), Mg ²⁺ (终浓度 1 mM), 冰上孵育 10-15 min。
	缓冲液太粘稠	有机溶剂或者蛋白稳定试剂 (如甘油等) 可能会引起反压增高, 降低操作流速。
洗脱组分中没有目的蛋白	样品中无 His 标签蛋白	采用 Western Blotting 等确定样品中是否含有目的蛋白。
	表达量太低	优化表达条件。
	目的蛋白结合比较弱, 在洗杂步骤被洗下来了	提高 wash Buffer 的 pH, 或者降低咪唑浓度。
洗脱组分中没有目的蛋白	目的蛋白结合过强, 不容易洗脱下来	降低洗脱液的 pH 值, 或者增加洗脱液中咪唑浓度。
	蛋白降解	在 4℃ 下进行纯化操作。 菌体破碎时添加一些蛋白酶抑制剂。
洗脱组分不纯 (含有多种蛋白)	洗杂操作不彻底	增加 Wash Buffer 体积。
	样品中含有其他的组氨酸标签蛋白	通过调节 pH 值, 或者咪唑浓度来优化洗杂条件。再使用其他的纯化手段 (如离子交换, 疏水等) 进一步纯化洗脱组分。
上样过程中蛋白发生沉淀	操作温度太高	4℃ 下进行上样。
	蛋白发生聚集	在样品和所有的缓冲液中添加稳定剂, 如 0.1% 的 Triton X-100 或者 Tween-20。

6. 订购信息及相关产品

名称	货号	规格
Ni NTA Beads HF	SA101005	5 ml
	SA101025	25 ml
	SA101100	100 ml
	SA101500	500 ml
	SA10101L	1 L
	SA10110L	10 L
HisCap NTA Beads HF	SA101C11	1×1 ml
	SA101C51	5×1 ml
	SA101C15	1×5 ml
	SA101C55	5×5 ml

