

Aminopeptidase Enzyme para hidrólisis de proteínas: desamargado, liberación de aminoácidos y ajuste de hidrolizados proteicos

Equipo de investigación de Enzymes.bio · Wellington, Nueva Zelanda · June 21, 2026

Aminopeptidase Enzyme For Protein Hydrolysis es una enzima exopeptidasa usada para recortar péptidos desde el extremo N-terminal durante la hidrólisis de proteínas, especialmente como etapa complementaria después de proteasas que generan fragmentos peptídicos. Su valor técnico está en ajustar el perfil de péptidos y aminoácidos libres, ayudar al desamargado de hidrolizados proteicos y apoyar procesos de ingredientes alimentarios, nutrición, piensos y valorización de materias primas proteicas. Enzymes.bio la ofrece en línea en unidades de **1 kg**, con CoA y SDS proporcionados junto con el pedido .

Qué es una aminopeptidasa y por qué se usa en hidrólisis proteica

Una aminopeptidasa es una enzima proteolítica que hidroliza enlaces peptídicos desde el extremo amino-terminal, también llamado extremo N-terminal, de péptidos o proteínas parcialmente degradadas. En términos prácticos, no “rompe” la proteína de manera aleatoria en el interior de la cadena como una endoproteasa, sino que elimina residuos de aminoácidos de forma progresiva desde un extremo accesible. La aminopeptidasa N, por ejemplo, está clasificada como EC 3.4.11.2 y se ha estudiado precisamente por su sitio de unión a la amina N-terminal, un elemento clave para reconocer el extremo del sustrato ^[1].

En la hidrólisis industrial de proteínas, esta diferencia de modo de acción es importante. Una endoproteasa puede generar rápidamente una mezcla de péptidos de distintos tamaños, pero esos péptidos pueden conservar secuencias terminales que afectan al sabor, a la solubilidad, al perfil de aminoácidos libres o al comportamiento funcional del hidrolizado. La aminopeptidasa se utiliza entonces como herramienta de “acabado” enzimático: actúa sobre los fragmentos ya formados, reduce la longitud de ciertos péptidos y aumenta la fracción de aminoácidos libres o péptidos más cortos, dentro de los límites que marque la matriz proteica y el proceso ^[2].

Este enfoque es especialmente relevante en hidrolizados proteicos alimentarios, ingredientes nutricionales, bases de sabor, piensos, fermentaciones y aprovechamiento de subproductos ricos en proteína. La hidrólisis de proteínas se usa de forma amplia porque permite transformar materias primas proteicas en mezclas más manejables de péptidos y aminoácidos, con cambios en digestibilidad, funcionalidad tecnológica, sabor y disponibilidad de nitrógeno para procesos biológicos [2].

Mecanismo de acción: cómo recorta el extremo N-terminal

El mecanismo de una aminopeptidasa empieza con el reconocimiento del extremo N-terminal libre del péptido. El grupo amino terminal debe colocarse correctamente en el sitio activo para que el enlace peptídico adyacente pueda ser atacado y escindido. En aminopeptidasa N se ha descrito un residuo glutamato, Glu350, como crítico para el sitio de unión de la amina N-terminal, lo que ilustra que el reconocimiento del extremo no es un detalle secundario, sino parte central de la especificidad catalítica [1].

Muchas aminopeptidasas relevantes son metaloenzimas. En estas enzimas, uno o más iones metálicos del sitio activo contribuyen a orientar el sustrato, polarizar el enlace peptídico y facilitar la activación de una molécula de agua que participa en la ruptura del enlace. La función del ion metálico en leucina aminopeptidasa fue estudiada tempranamente como parte esencial del mecanismo de acción, mostrando que la catálisis depende de la química coordinada entre metal, agua, sustrato y residuos del sitio activo [3].

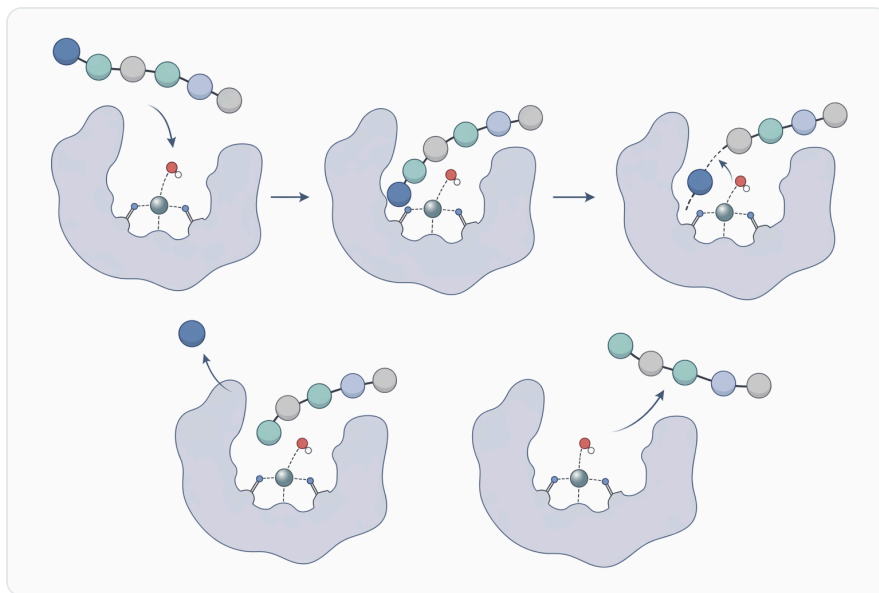


Figure 1. 아미노펩티다아제는 펩타이드의 N-말단에서 아미노산을 순차적으로 제거하여 단백질 가수분해물의 조성을 개선합니다.

Desde el punto de vista químico, la reacción puede resumirse en cuatro pasos: unión del extremo N-terminal, posicionamiento del enlace peptídico que se va a cortar, activación de agua para atacar el carbono carbonílico del enlace peptídico y liberación del aminoácido N-terminal junto con el péptido acortado. Estudios computacionales sobre aminopeptidasa de *Aeromonas proteolytica* han investigado este modo de acción con enfoques cuántico-mecánicos y mecánico-moleculares, lo que respalda la visión de la aminopeptidasa como una maquinaria catalítica muy específica y no como una simple “proteasa general” [4].

La consecuencia tecnológica de este mecanismo es clara: la aminopeptidasa necesita extremos N-terminales disponibles. Por eso, en muchos procesos de hidrólisis de proteínas funciona mejor cuando se combina con una proteasa que abre la estructura proteica y genera péptidos accesibles. Si la proteína está poco desnaturalizada, poco solubilizada o apenas fragmentada, la aminopeptidasa puede tener menos sustrato útil disponible, aunque la magnitud del efecto depende de la proteína, del pretratamiento y del sistema enzimático total [2].

Aminopeptidasa frente a otras proteasas: comparación práctica

La hidrólisis proteica no depende de una sola clase de enzima. Los procesos más controlados suelen combinar actividades con funciones distintas: unas abren la proteína, otras recortan extremos, otras actúan sobre secuencias difíciles como péptidos con prolina, y otras modifican el perfil final. Esta distinción evita expectativas poco realistas y ayuda a ubicar la aminopeptidasa en el punto correcto del proceso.

Tipo de actividad proteolítica	Punto de corte principal	Papel técnico en hidrólisis de proteínas	Comentario práctico
Endoproteasa	Enlaces internos de la cadena	Genera péptidos a partir de proteínas grandes	Suele iniciar la hidrólisis y aumentar la accesibilidad del sustrato
Aminopeptidasa	Extremo N-terminal	Libera aminoácidos terminales y acorta péptidos	Útil para ajuste fino, desamargado y aumento de aminoácidos libres
Carboxipeptidasa	Extremo C-terminal	Libera residuos desde el extremo carboxilo	Complementa el recorte terminal desde el lado opuesto; se estudia junto con otras peptidasas en metabolismo peptídico [5]
Dipeptidil aminopeptidasa	Extremo N-terminal, en unidades de dipéptidos	Retira pares de aminoácidos según especificidad	Su acción puede estar modulada por inhibidores, aminas y compuestos aromáticos [6]

Tipo de actividad proteolítica	Punto de corte principal	Papel técnico en hidrólisis de proteínas	Comentario práctico
Prolil aminopeptidasa	Péptidos con prolina en posiciones específicas	Ayuda con secuencias resistentes por la estructura rígida de prolina	La especificidad de reconocimiento de sustrato ha sido estudiada con inhibidores enzimáticos [7]

La tabla muestra por qué la aminopeptidasa no debe plantearse como reemplazo universal de una endoproteasa. Su función más valiosa aparece cuando existen péptidos que ya pueden ser recortados desde el extremo N-terminal. En una estrategia de hidrólisis proteica, esto permite diseñar un flujo enzimático donde el primer corte aumenta la accesibilidad y la etapa exopeptidasa ajusta el perfil final de fragmentos y aminoácidos [2].

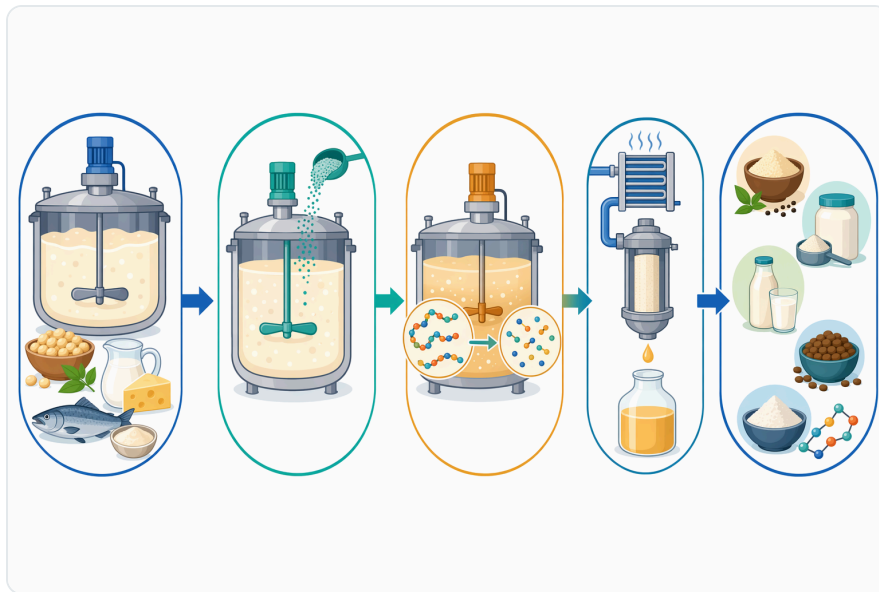


Figure 2. 산업용 아미노펩티다아제 가수분해는 단백질 기질을 식품, 영양, 발효 및 사료 용도에 적합한 아미노산 풍부 가수분해물로 전환합니다.

Aplicaciones principales en hidrolizados proteicos

Desamargado de hidrolizados

Uno de los usos más citados de las aminopeptidasas en procesos de proteína hidrolizada es el desamargado. El amargor de muchos hidrolizados se asocia a péptidos relativamente cortos y ricos en residuos hidrofóbicos, que pueden interactuar con receptores gustativos amargos. Si esos residuos están expuestos en el extremo N-terminal, una aminopeptidasa puede eliminarlos o modificar la secuencia, reduciendo la contribución de determinados péptidos al perfil sensorial.

Este efecto no debe interpretarse como una garantía universal de eliminación completa del amargor. La percepción sensorial depende de la proteína de partida, de los péptidos generados por la hidrólisis inicial, de la concentración, de la matriz alimentaria y de otros compuestos de sabor. Lo que sí es técnicamente razonable es considerar la aminopeptidasa como una herramienta para cambiar la población de péptidos responsables de notas amargas cuando el amargor está vinculado a extremos N-terminales susceptibles de recorte [2].

En aplicaciones alimentarias, esto puede ser relevante para hidrolizados de soja, leche, suero, legumbres, cereales, colágeno, pescado u otras fuentes proteicas. Sin embargo, cada matriz tiene proteínas, secuencias y tratamientos previos diferentes; por tanto, el resultado sensorial final depende del proceso completo. La hidrólisis de proteínas permite modular sabor y funcionalidad, pero el control del amargor requiere integrar enzima, tiempo de proceso, grado de hidrólisis, inactivación y formulación final [2].

Aumento de aminoácidos libres

Otra aplicación práctica es aumentar la liberación de aminoácidos libres. Cuando una endoproteasa corta una proteína, crea péptidos; cuando una aminopeptidasa actúa sobre esos péptidos, puede liberar aminoácidos individuales desde el extremo N-terminal. Este cambio puede ser deseable en bases de sabor, fermentaciones, ingredientes para nutrición y sistemas donde la disponibilidad de nitrógeno aminoacídico sea relevante [2].

La liberación de aminoácidos libres también modifica el sabor. Algunos aminoácidos contribuyen a notas dulces, umami, saladas, amargas o complejas dependiendo de la composición y concentración. Por eso, la aminopeptidasa puede afectar tanto al desamargado como al desarrollo de sabor, aunque el resultado organoléptico debe evaluarse sobre el hidrolizado real y no asumirse solo por el tipo de enzima.

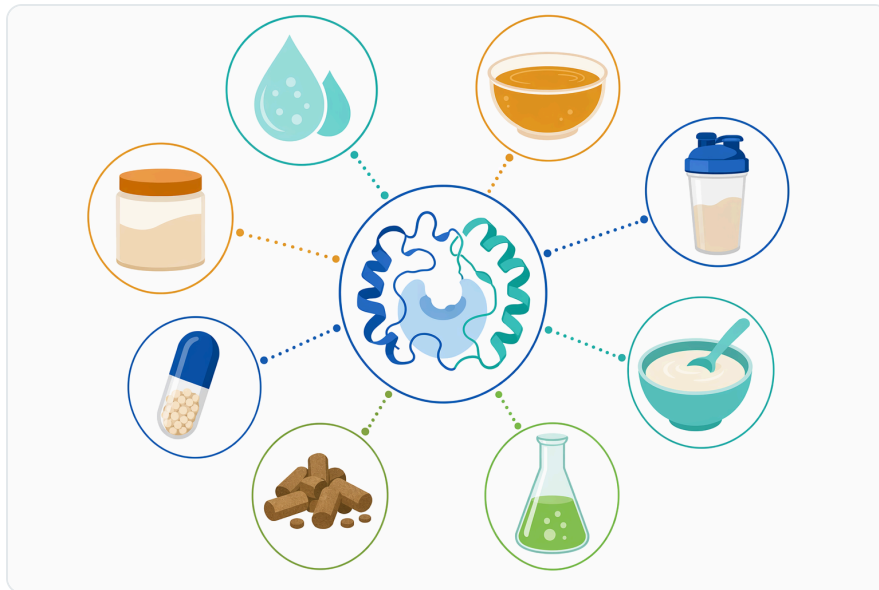


Figure 3. 아미노펩티다아제는 단백질 유래 원료의 맛, 소화성 및 유리 아미노산 함량을 조절하는 데 사용됩니다.

En matrices destinadas a fermentación, la disponibilidad de péptidos cortos y aminoácidos puede influir en el crecimiento microbiano y en la formación de metabolitos de aroma. La aminopeptidasa puede integrarse en preparaciones de proteína hidrolizada que buscan un perfil de nitrógeno más accesible, siempre que el proceso térmico, el pH, la salinidad y la composición de la materia prima sean compatibles con la aplicación prevista ^[2].

Ajuste de perfil peptídico y funcionalidad

La hidrólisis proteica cambia propiedades como solubilidad, capacidad de emulsificación, formación de espuma, retención de agua, viscosidad, sabor y comportamiento en formulaciones. La aminopeptidasa participa en este ajuste al desplazar la distribución desde péptidos más largos hacia péptidos más cortos y aminoácidos libres, pero no actúa de manera aislada: el resultado depende de todos los cortes realizados por el sistema enzimático ^[2].

En bebidas proteicas, suplementos, ingredientes para nutrición clínica o deportiva y alimentos funcionales, el perfil peptídico es importante porque afecta la claridad, la estabilidad, el sabor y la interacción con otros componentes. Una hidrólisis excesiva puede producir demasiados aminoácidos libres o notas sensoriales no deseadas; una hidrólisis insuficiente puede dejar péptidos amargos o baja solubilidad. La aminopeptidasa aporta una vía para ajustar ese punto intermedio.

También puede ser útil en ingredientes destinados a aplicaciones saladas, caldos, sazadores, extractos y bases de reacción. En estos casos, la liberación controlada de aminoácidos y péptidos cortos puede apoyar la construcción de sabor durante formulación o tratamiento térmico posterior. La

tecnología de hidrólisis de proteínas se emplea precisamente porque convierte proteínas de bajo valor funcional directo en fracciones con mayor utilidad tecnológica [2].

Integración en procesos de hidrólisis de proteínas

Uso secuencial después de endoproteasas

Una estrategia frecuente es aplicar primero una endoproteasa para fragmentar la proteína y después introducir la aminopeptidasa para recortar los péptidos formados. Esta lógica aprovecha la especialidad de cada actividad: la endoproteasa aumenta el número de extremos disponibles y la aminopeptidasa trabaja sobre esos extremos. Desde el punto de vista de proceso, esta secuencia puede ofrecer más control que intentar que una sola enzima resuelva todos los objetivos de hidrólisis.



Figure 4. 가혹한 화학적 가수분해와 비교할 때, 아미노펩티다아제 처리는 더 온화하고 선택적인 단백질 가수분해를 제공하며 제품 품질을 향상시킵니다.

El uso secuencial también permite separar objetivos. La primera etapa puede buscar solubilización, reducción de viscosidad o generación de péptidos; la segunda, desamargado, liberación de aminoácidos o modificación sensorial. El mecanismo de reconocimiento N-terminal de aminopeptidasa N respalda esta lógica, porque la enzima necesita un extremo amino accesible para orientar el sustrato en el sitio activo [1].

Uso combinado con otras exopeptidasas

En algunos procesos, la aminopeptidasa puede combinarse con otras exopeptidasas o peptidasas específicas. Las dipeptidil aminopeptidasas, por ejemplo, tienen un patrón de liberación distinto porque pueden retirar dipéptidos desde el extremo N-terminal bajo condiciones de especificidad

determinadas. Su mecanismo ha sido estudiado mediante inhibición por derivados de aminoácidos y aminas, así como activación por compuestos aromáticos, lo que muestra que diferentes peptidasas pueden responder de manera muy distinta al entorno químico [6].

Las prolinas representan un desafío especial en muchos péptidos porque su estructura cíclica restringe la conformación de la cadena y puede dificultar ciertos cortes. Las prolyl aminopeptidasas se han estudiado por su reconocimiento de sustratos y por inhibidores específicos, lo que explica por qué en algunas matrices proteicas conviene combinar actividades si se busca una hidrólisis más profunda o un perfil peptídico concreto [7].

Variables de proceso que influyen en el resultado

La eficacia de una aminopeptidasa depende de variables como tipo de proteína, grado de desnaturalización, solubilidad, tamaño de los péptidos, pH, temperatura, tiempo de reacción, concentración de sustrato, presencia de sales, inhibidores, activadores, metales, tratamientos térmicos e inactivación final. No existe una condición universal válida para todas las proteínas, porque la accesibilidad del extremo N-terminal y la composición de secuencia cambian entre matrices.

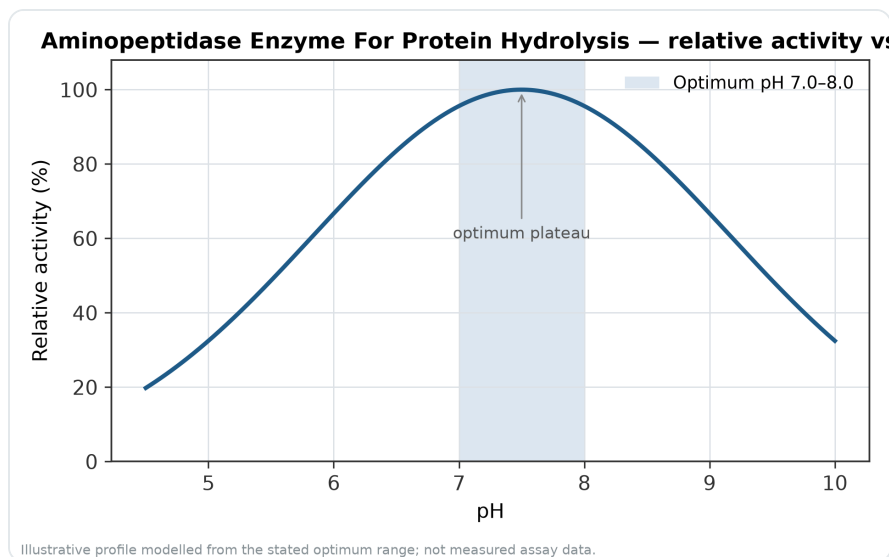


Figure 5. pH에 따른 단백질 가수분해용 아미노펩티다아제 효소의 상대 활성으로, pH 7.0–8.0에서 최적 활성 구간을 보여줍니다.

El papel de los metales merece atención conceptual, sin convertirlo en una recomendación de formulación específica. En leucina aminopeptidasa, el ion metálico forma parte del mecanismo catalítico; por tanto, agentes que secuestran metales o cambios en la química del medio pueden alterar la actividad de algunas aminopeptidasas. Esto no significa que todas las preparaciones comerciales respondan igual, pero sí explica por qué la matriz y los coingredientes pueden afectar el rendimiento [3].

La estructura oligomérica también puede influir en ciertas aminopeptidasas. Se han caracterizado complejos tipo TET de aminopeptidasa en arqueas hipertermófilas, lo que muestra que algunas enzimas de esta familia funcionan como ensamblajes multímeros con arquitecturas especializadas. Esta observación es útil para entender la diversidad de la familia, aunque no debe extrapolarse automáticamente a las propiedades de una preparación comercial específica ^[8].

Sectores donde una aminopeptidasa puede aportar valor

Ingredientes alimentarios y nutricionales

En ingredientes alimentarios, la aminopeptidasa se utiliza cuando el objetivo no es simplemente hidrolizar proteína, sino ajustar un hidrolizado para hacerlo más utilizable en formulación. Puede contribuir a reducir notas amargas, aumentar aminoácidos libres y modificar la distribución de péptidos. Esto resulta relevante para bebidas proteicas, polvos nutricionales, sopas, salsas, productos salados, sustitutos proteicos y matrices donde la palatabilidad limita la dosis de inclusión.

En nutrición, los hidrolizados proteicos se valoran porque ofrecen proteínas transformadas en péptidos y aminoácidos más pequeños. La aminopeptidasa puede formar parte del sistema enzimático que define ese perfil, aunque cualquier afirmación nutricional, digestiva o funcional del producto final debe estar respaldada por la formulación y la validación correspondiente. La hidrólisis enzimática de proteínas es una herramienta, no una alegación por sí misma ^[2].

Bases de sabor, extractos y fermentación

Las bases de sabor derivadas de proteína hidrolizada dependen en gran medida de la mezcla de aminoácidos, péptidos cortos y compuestos generados durante etapas posteriores de proceso. Una aminopeptidasa puede aumentar la fracción de aminoácidos libres disponibles para aportar sabor directamente o participar en reacciones de desarrollo aromático. En matrices saladas, esto puede ayudar a construir complejidad, siempre que el proceso esté controlado para evitar exceso de amargor o notas no deseadas.

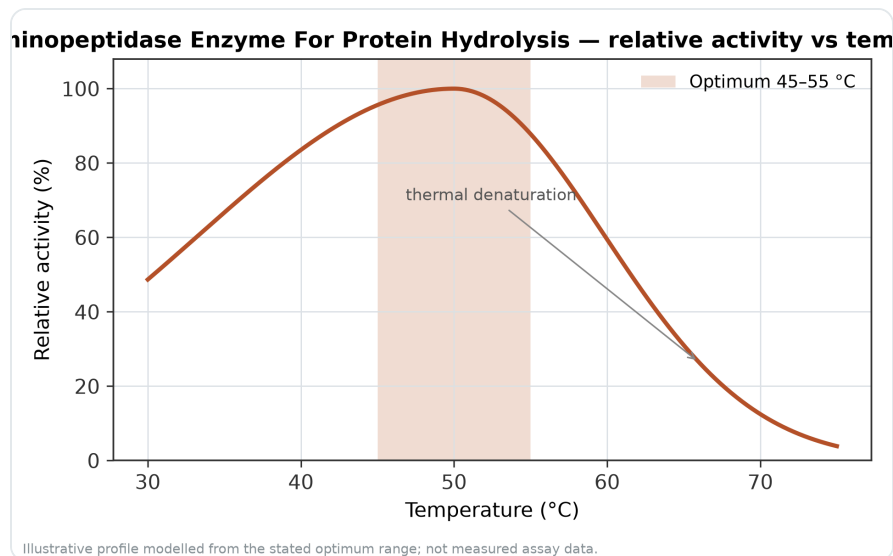


Figure 6. 온도에 따른 단백질 가수분해용 아미노펩티다아제 효소의 상대 활성으로, 45-55°C에서 최적 활성을 보이며 최적 온도 이상에서는 열 변성으로 인한 전형적인 활성 감소가 나타납니다.

En fermentación, el nitrógeno disponible puede condicionar el metabolismo microbiano. Las proteínas intactas no siempre son accesibles para todos los microorganismos, mientras que los péptidos cortos y aminoácidos pueden ser más fácilmente asimilables. Por ese motivo, los hidrolizados proteicos tratados con exopeptidasas pueden utilizarse como componentes de medios o sustratos fermentativos cuando se busca una fuente de nitrógeno más disponible [2].

Piensos y acuicultura

En piensos, la hidrólisis proteica puede ayudar a transformar harinas, concentrados y subproductos en ingredientes con perfiles de péptidos y aminoácidos más adecuados para formulaciones específicas. Una aminopeptidasa puede participar en procesos donde se busca mejorar la disponibilidad de fracciones nitrogenadas o reducir péptidos que afectan la aceptación del alimento. La relevancia práctica depende de la especie animal, la materia prima y el objetivo nutricional.

En acuicultura, por ejemplo, se usan ingredientes proteicos de origen diverso, incluidos subproductos marinos, vegetales y fuentes alternativas. La hidrólisis enzimática permite ajustar solubilidad, palatabilidad y perfil de péptidos, lo que puede facilitar la inclusión de materias primas que de otro modo serían difíciles de formular. La aminopeptidasa encaja en esta lógica como actividad complementaria de acabado, no como sustituto del diseño nutricional completo [2].

Valorización de subproductos proteicos

La valorización de subproductos ricos en proteína es una de las aplicaciones más atractivas de la hidrólisis enzimática. Restos de pescado, recortes cárnicos, tortas vegetales, residuos de semillas, coproductos lácteos y otras materias primas pueden transformarse en hidrolizados con mayor valor añadido. En estos casos, el reto no es solo romper proteína, sino obtener un perfil sensorial, funcional y documental aceptable para la aplicación final.

La aminopeptidasa puede apoyar esa transformación al reducir péptidos amargos y elevar la fracción de aminoácidos libres. Sin embargo, los subproductos suelen tener variabilidad en grasa, minerales, colágeno, pigmentos, sales y tratamientos previos, por lo que el resultado debe evaluarse internamente para cada flujo de materia prima. La hidrólisis de proteínas es una tecnología flexible, pero su desempeño depende de la composición real del sustrato [2].

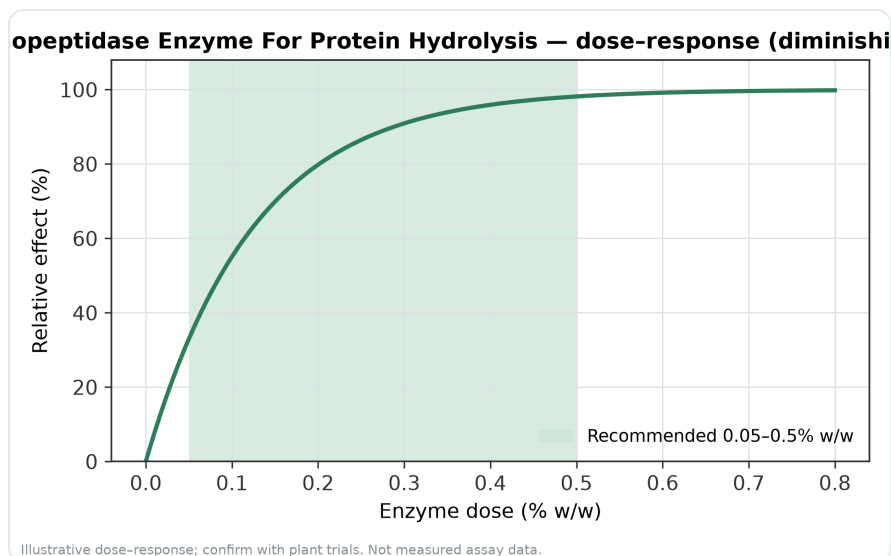


Figure 7. 권장 사용 범위(0.05-0.5% w/w)에서 단백질 가수분해용 아미노펩티다아제 효소의 용량-반응을 예시한 그래프입니다.

Beneficios técnicos y límites realistas

Los beneficios técnicos más razonables de una aminopeptidasa para hidrólisis de proteínas son: recorte de péptidos desde el extremo N-terminal, incremento de aminoácidos libres, reducción potencial de péptidos amargos, ajuste de distribución peptídica y apoyo a sistemas enzimáticos combinados. Estos beneficios se derivan directamente de su mecanismo exopeptidasa y de su dependencia del reconocimiento del extremo amino del sustrato [1].

El principal límite es que la aminopeptidasa no puede compensar por completo una hidrólisis inicial inadecuada. Si la proteína no se solubiliza, si los péptidos generados no tienen extremos accesibles o si el amargor procede de secuencias no susceptibles a la enzima, el efecto puede ser limitado. Por tanto, su rendimiento suele ser mayor cuando se integra en un proceso de hidrólisis diseñado con una endoproteasa u otras peptidasas complementarias [2].

Otro límite es la especificidad. Aunque el término “aminopeptidasa” describe una función general, existen muchas variantes con preferencias distintas por residuos, longitudes de péptido, condiciones químicas y arquitectura molecular. Los estudios sobre aminopeptidasas específicas —incluidas aminopeptidasa N, leucina aminopeptidasa, prolyl aminopeptidasa y dipeptidil aminopeptidasa— muestran que pequeñas diferencias en sitio activo y reconocimiento de sustrato pueden cambiar de forma importante el comportamiento catalítico [7].

Finalmente, el resultado final no se reduce a la enzima. El pH, la temperatura, el tiempo, la concentración de proteína, la presencia de sales, grasas, polifenoles, agentes quelantes, etapas térmicas, secado y formulación posterior pueden modificar sabor, solubilidad y estabilidad. Por eso, la aminopeptidasa debe tratarse como una herramienta de proceso dentro de una estrategia completa de hidrólisis proteica [2].

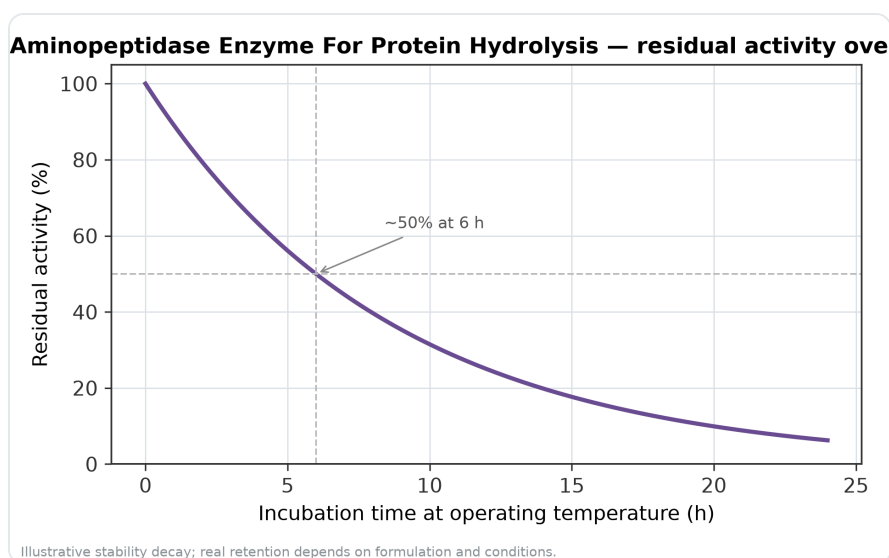


Figure 8. 단백질 가수분해용 아미노펩티다아제 효소의 열 안정성 감소 예시로, 작동 온도에서 시간이 지남에 따라 잔존 활성이 감소하는 양상을 보여줍니다.

Información de producto y suministro por Enzymes.bio

Enzymes.bio ofrece **Aminopeptidase Enzyme For Protein Hydrolysis** como producto disponible en línea en unidades de **1 kg**. Enzymes.bio actúa como proveedor comercial; no debe interpretarse como fabricante ni laboratorio de análisis. El certificado de análisis —CoA— y la ficha de datos de seguridad

—SDS— se proporcionan junto con el pedido, lo que facilita la documentación básica del material recibido .

El producto se encuadra dentro de la categoría de enzimas para hidrólisis de proteínas, junto con otras herramientas enzimáticas orientadas a transformar proteínas en péptidos y aminoácidos para aplicaciones alimentarias, nutricionales, fermentativas, de piensos o de valorización de materias primas proteicas .

Conclusión

Aminopeptidase Enzyme For Protein Hydrolysis es una herramienta técnica para procesos donde se necesita ir más allá del corte inicial de proteínas. Su función principal es recortar péptidos desde el extremo N-terminal, lo que puede ayudar a aumentar aminoácidos libres, ajustar el perfil peptídico y reducir componentes asociados al amargor cuando el sustrato y el proceso son adecuados.

Su mayor valor aparece como complemento de endoproteasas y otras peptidasas en sistemas de hidrólisis proteica controlada. La evidencia mecanística sobre reconocimiento N-terminal, participación de iones metálicos y especificidad de distintas aminopeptidasas explica por qué esta clase de enzimas puede ser eficaz, pero también por qué sus resultados dependen de la matriz, del proceso completo y de la validación interna del usuario ^[3].

Pedir Aminopeptidase Enzyme For Protein Hydrolysis en línea

Se vende en unidades de 1 kg, en stock y listo para enviar. Haga su pedido directamente en nuestra tienda: pague en línea y procesaremos su pedido. Con cada pedido se incluyen un Certificado de Análisis y una Ficha de Datos de Seguridad.

[Comprar Aminopeptidase Enzyme For Protein Hydrolysis →](#)

Referencias

Numeradas por orden de primera cita. Fuentes de acceso abierto, verificadas como disponibles en el momento de publicación; los números de cita en el texto enlazan aquí.

1. Luciani, N., Marie-Claire, C., Ruffet, E., Beaumont, A., Roques, B., & Fournie-Zaluski, M. (1998). [Characterization of Glu350 as a critical residue involved in the N-terminal amine binding site of aminopeptidase N \(EC 3.4.11.2\): insights into its mechanism of action.](#) *Biochemistry*, 37 2, 686-92 .
2. [The Power Of Enzymes Why Hydrolysing Proteins Matters.](#) *Biocatalysts*.

3. Bryce, G., & Rabin, B. (1964). The function of the metal ion in leucine aminopeptidase and the mechanism of action of the enzyme. *Biochemical Journal*, 90 3, 513-8 .
4. Schürer, G., Lanig, H., & Clark, T. (2004). Aeromonas proteolytica aminopeptidase: an investigation of the mode of action using a quantum mechanical/molecular mechanical approach. *Biochemistry*, 43 18, 5414-27 .
5. Ahmad, S., & Ward, P. (1992). Depressor Action of Bradykinin Agonists Relative to Metabolism by Angiotensin-Converting Enzyme, Carboxypeptidase N, and Aminopeptidase P. *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine. Society for Experimental Biology and Medicine*, 200, 115 - 121.
6. Metrione, R. M., & Macgeorge, N. (1975). The mechanism of action of dipeptidyl aminopeptidase. Inhibition by amino acid derivatives and amines; activation by aromatic compounds. *Biochemistry*, 14 24, 5249-52 .
7. Inoue, T., Ito, K., Tozaka, T., Hatakeyama, S., Tanaka, N., Nakamura, K. T., & Yoshimoto, T. (2003). Novel inhibitor for prolyl aminopeptidase from Serratia marcescens and studies on the mechanism of substrate recognition of the enzyme using the inhibitor. *Archives of Biochemistry and Biophysics*, 416 2, 147-54 .
8. Durá, M., Receveur-Bréchet, V., Andrieu, J., Ebel, C., Schoehn, G., Roussel, A., & Franzetti, B. (2005). Characterization of a TET-like aminopeptidase complex from the hyperthermophilic archaeon Pyrococcus horikoshii. *Biochemistry*, 44 9, 3477-86 .


Contactar con Enzymes.bio

¿Tiene preguntas sobre un pedido? Nuestro equipo estará encantado de ayudarle.


CORREO ELECTRÓNICO wholesale@enzymes.bio

TELÉFONO (EE. UU.) **+1 (507) 428-6057**

[Contáctenos →](#)

 **400+** Clientes B2B

 **60+** socios universitarios de investigación

 **54** atendidos en todo el mundo

© 2026 Enzymes.bio · Suministro de enzimas industriales y para procesamiento de alimentos · No apto para consumo humano ni venta minorista.