

Ribonuclease für gezielten RNA-Abbau in biotechnologischen Prozessen

Enzymes.bio Research-Team · Wellington, Neuseeland · June 18, 2026

Ribonuclease, kurz RNase, ist eine Enzymklasse, die RNA durch Spaltung ihrer Phosphodiesterbindungen abbaut; in technischen Workflows wird sie eingesetzt, wenn RNA als störende Begleitkomponente entfernt oder reduziert werden soll. Besonders relevant ist Ribonuclease in Zellysaten, Prozesszwischenstufen, analytischen Vorbereitungen und forschungsnahen Anwendungen, in denen RNA die Viskosität, Trennleistung oder Auswertung beeinflusst ^[1].

Enzymes.bio liefert Ribonuclease als Online-Produkt in 1-kg-Einheiten. CoA und SDS werden bei der Bestellung mitgeliefert; Enzymes.bio ist dabei Lieferant, nicht Hersteller und nicht Labor.

Was bedeutet „Ribonuclease“ technisch?

Die knappe Ribonuclease-Definition lautet: Ribonucleasen sind Enzyme, die RNA-Moleküle schneiden oder abbauen. Der Begriff bezeichnet jedoch keine einzelne Substanz, sondern eine Gruppe sehr unterschiedlicher Enzyme mit gemeinsamer Zielchemie: Sie greifen die RNA-Rückgratbindung zwischen Ribose-Phosphat-Bausteinen an und erzeugen kürzere RNA-Fragmente oder Nukleotidprodukte ^[1].

Diese terminologische Unterscheidung ist im B2B-Kontext wichtig, weil „Ribonuclease“ je nach Anwendung RNase A, Ribonuclease H, Ribonuclease P, Ribonuclease R, Cas13-ähnliche RNasen oder weitere Familien meinen kann. In der Biotechnologie führen unscharfe Begriffe regelmäßig zu Fehlinterpretationen zwischen Forschung, Anwendung und Beschaffung; deshalb sollte RNase immer funktional verstanden werden: Welches RNA-Substrat wird unter welchen Prozessbedingungen adressiert? ^[2]

Für industrielle Anwender ist das gemeinsame Nutzprinzip entscheidend: RNA wird enzymatisch verkleinert. Ob dies durch einen Endoschnitt im Inneren des RNA-Strangs, durch schrittweisen Abbau vom Molekülende oder durch Erkennung eines RNA-DNA-Hybrids geschieht, hängt vom RNase-Typ ab und bestimmt, wie das Enzym in einen Prozessschritt passt ^[1].

Hauptanwendung: RNA-Reduktion in komplexen biologischen Matrices

Die praktisch häufigste technische Aufgabe ist nicht die Untersuchung der RNase selbst, sondern die Entfernung unerwünschter RNA. Nach Zellaufschluss, Fermentation oder Extraktion kann RNA als geladene, lange Polymerfraktion auftreten; sie bindet Wasser, interagiert mit Proteinen und Partikeln und kann die Viskosität biologischer Matrices erhöhen. Ribonuclease reduziert diese Polymerlänge, wodurch nachgelagerte Verarbeitungsschritte besser handhabbar werden können [3].

In der Prozesslogik ähnelt Ribonuclease anderen industriell genutzten Enzymen: Sie ersetzt keinen gesamten Trennprozess, sondern verändert gezielt eine störende Molekülklasse, damit bestehende Schritte wie Klärung, Filtration, Fällung, Chromatographie oder analytische Probenvorbereitung zuverlässiger laufen. Reviews zu industriellen Enzymenwendungen betonen genau diese Rolle von Enzymen als selektive Prozesswerkzeuge, deren Nutzen aus Substratspezifität und milden Reaktionsbedingungen entsteht [3].

RNA-Abbau ist besonders dann sinnvoll, wenn RNA nicht das Zielprodukt ist. Beispiele sind proteinreiche Lysate, DNA-fokussierte Analysen, biotechnologische Zwischenprodukte oder forschungsnahe Workflows, in denen RNA-Signale, RNA-bedingte Matrixeffekte oder RNA-assoziierte Viskosität reduziert werden sollen. Die Anwendung muss dennoch prozessspezifisch betrachtet werden, weil Matrixbestandteile, Temperatur, pH-Wert, Salze und Inhibitoren die Enzymleistung beeinflussen können [4].

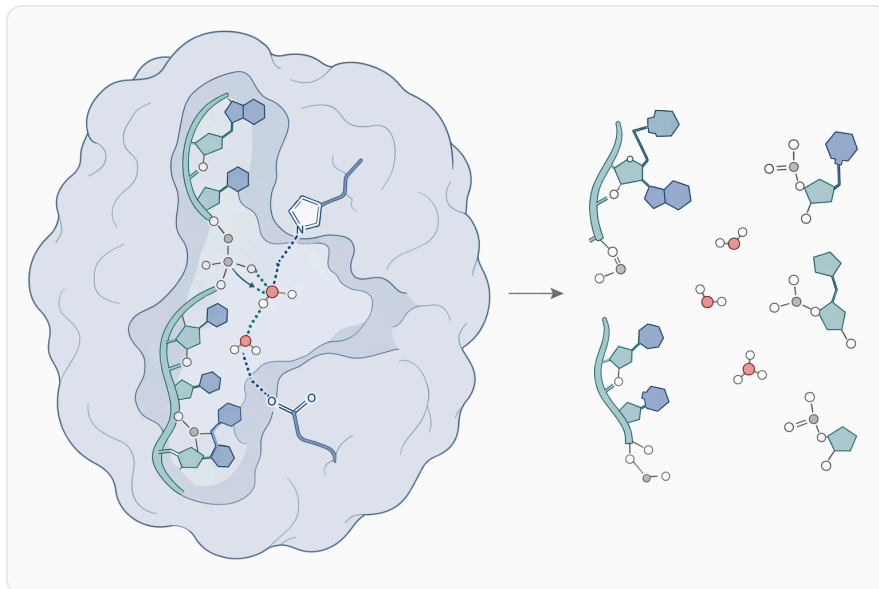


Figure 1. Ribonuclease cleaves phosphodiester bonds in RNA to convert long RNA strands into shorter phosphate-ended fragments.

Der molekulare Mechanismus: wie RNasen RNA spalten

RNA besitzt im Unterschied zu DNA eine 2'-Hydroxylgruppe an der Ribose. Viele RNasen nutzen diese chemische Besonderheit: Das Enzym positioniert den RNA-Strang im aktiven Zentrum, richtet katalytische Aminosäuren und die angreifende Gruppe aus und senkt so die Aktivierungsenergie für die Spaltung der Phosphodiesterbindung. Am Ende entstehen kürzere RNA-Fragmente, häufig mit definierten Phosphatenden ^[1].

Bei Ribonuclease A, dem klassischen Modell der pancreatic ribonuclease, ist der Mechanismus besonders gut beschrieben. RNase A katalysiert typischerweise zuerst eine Transphosphorylierung, bei der ein 2',3'-cyclisches Phosphat entsteht, und anschließend dessen Hydrolyse; Histidin- und Lysinreste im aktiven Zentrum übernehmen Säure-Base- und Stabilisierungsfunktionen. Diese ribonuclease structure erklärt, warum das Enzym nicht einfach „RNA zerstört“, sondern chemisch sehr präzise an der RNA-Rückgratbindung arbeitet ^[1].

Ein zweites wichtiges Prinzip ist Substraterkennung. RNase A bevorzugt einzelsträngige RNA-Abschnitte und schneidet häufig an pyrimidinreichen Positionen, während Ribonuclease H die RNA-Komponente von RNA-DNA-Hybriden erkennt. Genau diese Hybrid-Spezifität wurde in einem fluorometrischen Bio-Barcode-Immunoassay genutzt, bei dem iterative DNA-RNA-Hybridisierung und RNase-H-vermittelte Fluorophorfreisetzung zur Signalverstärkung eingesetzt wurden ^[5].

Ein drittes Prinzip ist programmierte oder guide-abhängige RNA-Erkennung. CRISPR-Cas13a ist eine ribonuclease, deren Aktivität durch RNA-Erkennung gesteuert wird; die Strukturarbeit an einer thermostabilen Cas13a aus *Thermoclostridium caenicola* zeigt, dass auch moderne RNA-Targeting-Systeme letztlich auf räumlicher Substratbindung und katalytisch aktiven RNase-Domänen beruhen ^[6].

RNase A, Ribonuclease H, Ribonuclease P und Ribonuclease R im Vergleich

Nicht jede RNase löst dieselbe technische Aufgabe. Die folgende Übersicht ordnet häufig gesuchte Begriffe wie ribonuclease a, ribonuclease h, ribonuclease p und ribonuclease r nach Substratlogik und Anwendungssinn ein. Sie ersetzt keine Produktspezifikation, zeigt aber, warum die Enzymfamilie differenziert betrachtet werden muss.

RNase-Typ / Suchbegriff	Bevorzugtes Substratprinzip	Mechanistischer Kern	Typische technische Relevanz
Ribonuclease A / RNase A	vor allem einzelsträngige RNA	Säure-Base-Katalyse am RNA-Rückgrat; Bildung und Hydrolyse	Allgemeiner RNA-Abbau in geeigneten wässrigen Systemen;

RNase-Typ / Suchbegriff	Bevorzugtes Substratprinzip	Mechanistischer Kern	Typische technische Relevanz
		eines cyclischen Phosphat-Zwischenprodukts	Referenzmodell für bovine ribonuclease a [1]
Pancreatic ribonuclease / bovine ribonuclease	RNase-A-Familie aus Pankreasquellen	kompakte, disulfidstabilisierte Proteinstruktur; klassisches Enzymmodell	Häufiger Referenzbegriff in Forschung und Katalogsprache, etwa bei Suchen nach bovine ribonuclease oder ribonuclease a sigma [1]
Ribonuclease H	RNA-Strang in RNA-DNA-Hybriden	Erkennung des Hybridduplex; Spaltung der RNA-Komponente	Selektive Entfernung oder Signalfreisetzung in Hybrid-basierten Workflows; demonstriert in einem DNA-RNA-Hybridisierungssassay [5]
Ribonuclease P	Vorläufer-tRNA mit 5'-Leader	prozessiert RNA-Vorstufen; in vielen Systemen ribonukleoprotein- oder RNA-katalysiert	Wichtig für RNA-Biologie und tRNA-Reifung; eher Spezialkontext als allgemeiner Prozess-RNA-Abbau [1]
Ribonuclease R	strukturierte RNA und 3'-Enden	exonukleolytischer Abbau vom RNA-Ende	Relevant als Konzept für Endgerichtete RNA-Prozessierung; nicht gleichbedeutend mit RNase A [1]
Cas13-Ribonuclease	guide-abhängig erkannte RNA	RNA-gesteuerte Aktivierung von RNase-Zentren	Forschungs- und Diagnostiknähe; strukturell charakterisierte RNA-Targeting-Ribonuclease [6]

Die Tabelle zeigt: Der allgemeine Begriff ribonuclease sollte im Prozess nicht mit einem einzigen Wirkprofil verwechselt werden. RNase A und Ribonuclease H können beide RNA spalten, aber sie erkennen unterschiedliche Substratkontexte; ein RNA-DNA-Hybrid ist nicht dasselbe wie frei zugängliche einzelsträngige RNA [\[5\]](#).

RNase A als Referenzmodell: Größe, Struktur und Stabilität

Ribonuclease A ist historisch das bekannteste RNase-Modell. Wenn Anwender nach „ribonuclease a size“ suchen, geht es meist um die Einordnung des Enzyms als kleines, kompaktes Protein: bovine pancreatic ribonuclease A besteht aus 124 Aminosäuren und hat eine Molekülmasse von etwa 13,7 kDa. Vier Disulfidbrücken tragen zur stabilen Faltung bei und machten RNase A zu einem klassischen Modellprotein der Enzym- und Faltungsforschung [\[1\]](#).

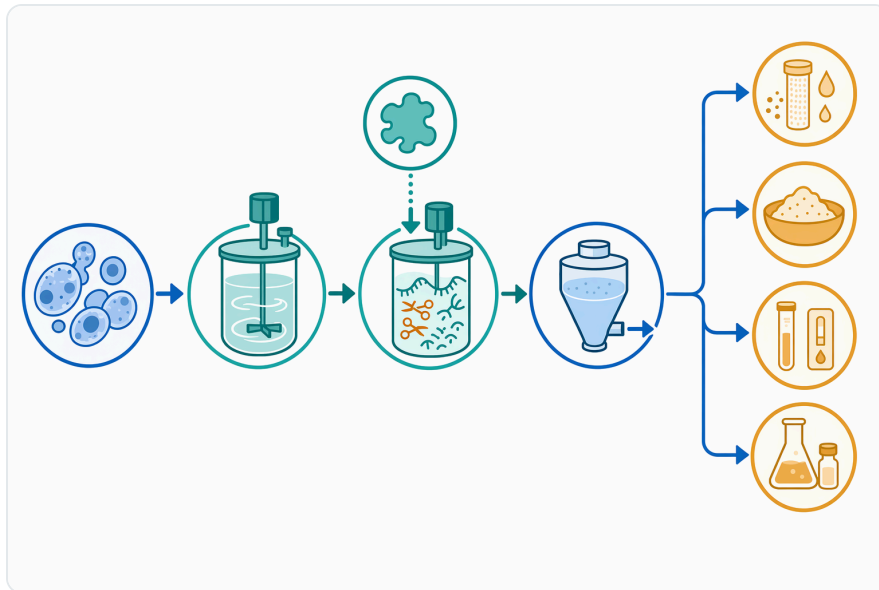


Figure 2. In DNA extraction, ribonuclease treatment is used after lysis to reduce RNA interference while preserving DNA as the intended nucleic-acid target.

Diese Struktur erklärt einen Teil der praktischen Robustheit, die RNase A in vielen Labor- und Prozesskontexten attraktiv macht. Kompaktheit, disulfidgestützte Faltung und ein klar definiertes aktives Zentrum bedeuten jedoch nicht, dass jede RNase unter allen Bedingungen gleich aktiv bleibt; Temperatur, Matrix, pH-Wert und Inhibitoren können das Ergebnis weiterhin beeinflussen ^[7].

Der Suchbegriff „ribonuclease structure“ ist deshalb mehr als akademisch. Die Struktur bestimmt, ob ein Enzym einzelsträngige RNA, strukturierte RNA, RNA-DNA-Hybride oder bestimmte Sequenzumgebungen bevorzugt. In der industriellen Enzymtechnik ist genau diese Kopplung von Struktur, Stabilität und Aktivität ein zentraler Grund, warum Enzyme für Prozessfenster ausgewählt und teilweise durch Proteinengineering verbessert werden ^[8].

Ribonuclease Location: wo RNasen biologisch vorkommen

Die „ribonuclease location“ hängt vom Organismus und von der RNase-Familie ab. Pancreatic ribonuclease wird klassisch mit sekretorischen Verdauungsfunktionen in Verbindung gebracht; zelluläre RNasen können dagegen im Cytosol, in Organellen, im Periplasma, in extrazellulären Räumen oder in RNA-Prozessierungskomplexen wirken. Diese Vielfalt spiegelt wider, dass RNA-Abbau sowohl ein Verdauungs-, Abwehr-, Qualitätskontroll- als auch Regulationsprozess sein kann ^[1].

Für technische Anwendungen ist diese biologische Herkunft nur dann direkt relevant, wenn sie die Substratpräferenz oder Prozessstabilität erklärt. Eine RNase, die evolutionär für extrazelluläre Bedingungen geeignet ist, kann andere Stabilitätsmerkmale aufweisen als ein Enzym, das in eng

regulierten intrazellulären Komplexen arbeitet. Reviews zur industriellen Enzymnutzung betonen, dass Herkunft, Faltung und Umgebungsstabilität wichtige Faktoren für die praktische Leistungsfähigkeit enzymatischer Prozesshilfen sind ^[3].

Ribonuclease Inhibitor: Schutzmechanismus und Prozessrisiko

Ein ribonuclease inhibitor protein ist kein RNA-abbauendes Enzym, sondern ein Schutzprotein gegen RNase-A-artige Enzyme. In Zellen schützt ein Ribonuclease Inhibitor RNA vor unbeabsichtigtem Abbau, indem er bestimmte RNasen sehr stark bindet und deren aktive Oberfläche blockiert. Für RNA-erhaltende Anwendungen ist das nützlich; für gezielten RNA-Abbau ist es dagegen ein potenzieller Störfaktor ^[1].

Begriffe wie recombinant ribonuclease inhibitor, RNasin ribonuclease inhibitor oder ribonuclease inhibitor promega tauchen häufig in molekularbiologischen Protokollen auf, weil solche Inhibitoren RNA während Transkription, RT-PCR-Vorbereitung oder RNA-Handling schützen sollen. Mechanistisch ist das der Gegenpol zur RNase-Anwendung: Wenn ein Workflow RNA abbauen soll, kann ein vorhandenes RNase-Inhibitor-Protein die Reaktion abschwächen oder blockieren ^[1].



Figure 3. Ribonuclease is useful in non-RNA workflows such as genomic DNA preparation, plasmid cleanup, lysate clarification, and recombinant protein processing where RNA is an impurity.

Daraus folgt ein praktischer, aber oft übersehener Punkt: RNase und RNase-Inhibitor gehören nicht unreflektiert in denselben Prozessschritt. Soll RNA erhalten bleiben, schützt ein Inhibitor; soll RNA entfernt werden, ist ein Inhibitor meist kontraproduktiv. Diese einfache Prozesslogik verhindert viele

Fehlinterpretationen, insbesondere wenn Dokumente aus RNA-erhaltenden Laborprotokollen auf RNA-abbauende Prozessschritte übertragen werden.

Einsatzfelder in biotechnologischen Workflows

Zellaufschluss und Lysatverarbeitung

Nach mechanischem, chemischem oder enzymatischem Zellaufschluss liegen Nukleinsäuren oft frei oder teilweise komplexiert vor. RNA kann dabei zur Zähigkeit der Matrix beitragen und Partikel- oder Proteintrennungen erschweren. Ribonuclease verkürzt RNA-Ketten und kann so die Handhabung des Lysats verbessern, sofern das Zielprodukt und die übrigen Prozessbedingungen mit dem RNase-Schritt kompatibel sind ^[3].

Der Effekt ist chemisch plausibel: Lange Polymere beeinflussen Fließeigenschaften stärker als kurze Fragmente. Durch enzymatische Spaltung sinkt die mittlere Kettenlänge der RNA, und damit kann auch der Beitrag der RNA zur Matrixstruktur abnehmen. Wie stark sich das praktisch auswirkt, hängt von RNA-Menge, Zelltyp, Feststoffanteil, Salzgehalt und dem Zeitpunkt der Zugabe im Prozess ab ^[4].

DNA-fokussierte Vorbereitung und analytische Klarheit

Wenn DNA analysiert, isoliert oder prozessiert werden soll, kann RNA als Begleitnukleinsäure stören. RNase A wird in solchen Zusammenhängen häufig genutzt, weil sie RNA abbaut, ohne DNA als Substrat zu benötigen. Ribonuclease H ist dagegen relevant, wenn gerade RNA-DNA-Hybride eine Rolle spielen, wie das Beispiel des RNase-H-basierten Bio-Barcode-Immunoassays zeigt ^[5].

Dieser Unterschied ist technisch wichtig: Eine allgemeine RNA-Reduktion in einer Probe ist nicht identisch mit der gezielten Spaltung einer Hybridstruktur. Wer „ribonuclease h“ sucht, meint häufig eine andere Funktion als bei „ribonuclease a“. Beide Begriffe gehören zur RNase-Welt, aber die Substratarchitektur entscheidet über die Wirkung ^[5].

Prozesshilfsmittel in biopharmazeutischer und diagnostiknaher Umgebung

In biopharmazeutischen und diagnostiknahen Prozessumgebungen werden Nukleinsäuren oft als prozessbedingte Verunreinigungen betrachtet, sofern sie nicht selbst das Produkt sind. Ribonuclease kann hier als Hilfsenzym zur RNA-Reduktion dienen; die tatsächliche Einbindung hängt jedoch von der Validierungsstrategie, Produkthanforderung und regulatorischen Einordnung des jeweiligen Workflows ab. Allgemeine Reviews zu industriellen Enzymen weisen darauf hin, dass enzymatische Lösungen leistungsfähig sind, aber immer prozessspezifisch bewertet werden müssen ^[3].

Wichtig ist die Abgrenzung zu therapeutischen Forschungsarbeiten. Ribonuclease-basierte Targeting-Konzepte, etwa induzierbare RNase-Chimären gegen G-Quadruplex-mRNAs, werden wissenschaftlich im Kontext präziser Tumorthherapie untersucht. Solche Studien belegen interessante RNA-Targeting-Mechanismen, sind aber nicht gleichbedeutend mit einer Freigabe oder Eignung eines technischen Ribonuclease-Produkts für medizinische Anwendungen ^[9].

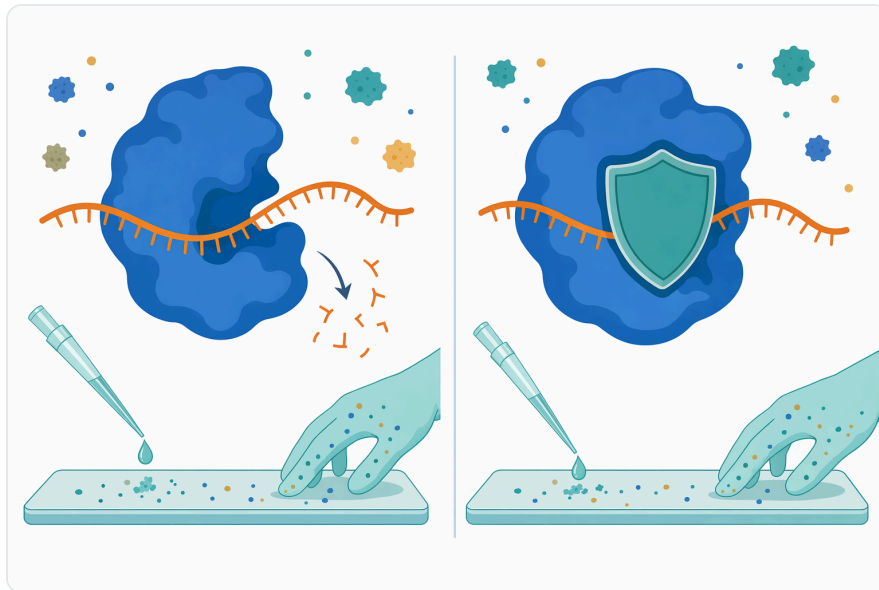


Figure 4. Ribonuclease inhibitors and RNase-control practices protect RNA-focused workflows from unwanted enzymatic degradation.

Prozessbedingungen: was die Wirkung bestimmt

Ribonuclease benötigt zugängliche RNA. RNA, die in Protein-RNA-Komplexen, Partikeln, Membranresten oder hochviskosen Aggregaten gebunden ist, kann langsamer umgesetzt werden als frei gelöste RNA. In der Praxis entscheidet daher nicht nur die Enzymmenge, sondern auch die Prozessreihenfolge: Der RNase-Schritt ist am wirksamsten, wenn das Substrat erreichbar ist und die Matrix die Katalyse nicht blockiert ^[4].

Temperatur und pH-Wert beeinflussen Faltung, Substratbindung und katalytische Geschwindigkeit. Industrielle Enzymforschung zeigt, dass Stabilität und Aktivität nicht beliebig gekoppelt sind: Ein Enzym kann sehr stabil sein, aber unter bestimmten Bedingungen wenig Aktivität zeigen, oder umgekehrt hohe Aktivität bei begrenzter Stabilität besitzen. Proteinengineering versucht deshalb häufig, Thermostabilität und Aktivität gemeinsam zu verbessern ^[10].

Salze, Metallionen, Detergenzien, Reduktionsmittel und organische Komponenten können je nach RNase-Familie unterschiedlich wirken. RNase A-artige Enzyme sind nicht identisch mit metallabhängigen RNasen oder RNA-guided RNasen; deshalb lassen sich Prozessbedingungen nicht

pauschal von einer RNase-Familie auf eine andere übertragen. Die Literatur zu thermostabilen und industriellen Enzymen unterstreicht, dass Strukturdetails die Belastbarkeit gegenüber Prozessumgebungen bestimmen ^[8].

Auch Immobilisierung kann prinzipiell relevant sein, wenn ein Enzym wiederverwendet, räumlich fixiert oder von einem Produktstrom getrennt werden soll. Immobilisierte Enzyme sind in industriellen Anwendungen etabliert, weil sie Prozesskontrolle, Wiederverwendung und Abtrennung unterstützen können. Ob dies für eine konkrete RNase-Anwendung sinnvoll ist, hängt aber vom Prozessdesign und der Substratzugänglichkeit ab ^[4].

Konkrete Vorteile gegenüber nicht-enzymatischen Ansätzen

Der erste Vorteil ist Selektivität: Eine Ribonuclease adressiert RNA als chemisch und strukturell erkennbares Substrat. Im Vergleich zu unspezifischen chemischen Abbauverfahren kann das helfen, andere Molekülklassen in einem Prozessfenster weniger stark zu belasten. Diese Selektivität ist jedoch RNase-spezifisch; RNase A, RNase H und Cas13 folgen unterschiedlichen Erkennungsregeln ^[6].

Der zweite Vorteil ist milde Prozessführung. Enzyme können unter wässrigen Bedingungen arbeiten, ohne dass zwangsläufig starke Säuren, starke Basen oder hohe Temperaturen eingesetzt werden müssen. Industrielle Enzymreviews beschreiben genau diesen Nutzen als Grundprinzip biokatalytischer Prozessführung: gezielte chemische Umsetzungen bei Bedingungen, die mit empfindlichen Biomolekülen eher kompatibel sein können ^[3].

Der dritte Vorteil ist Prozessintegration. Ein RNase-Schritt kann vor einer Klärung, nach einem Zellaufschluss, vor einer DNA-fokussierten Analyse oder in einer forschungsnahen Probenvorbereitung liegen. Entscheidend ist, dass der RNA-Abbau nicht isoliert betrachtet wird, sondern als Teil einer Kette aus Freisetzung, Reaktion, Trennung und Qualitätsbewertung ^[4].

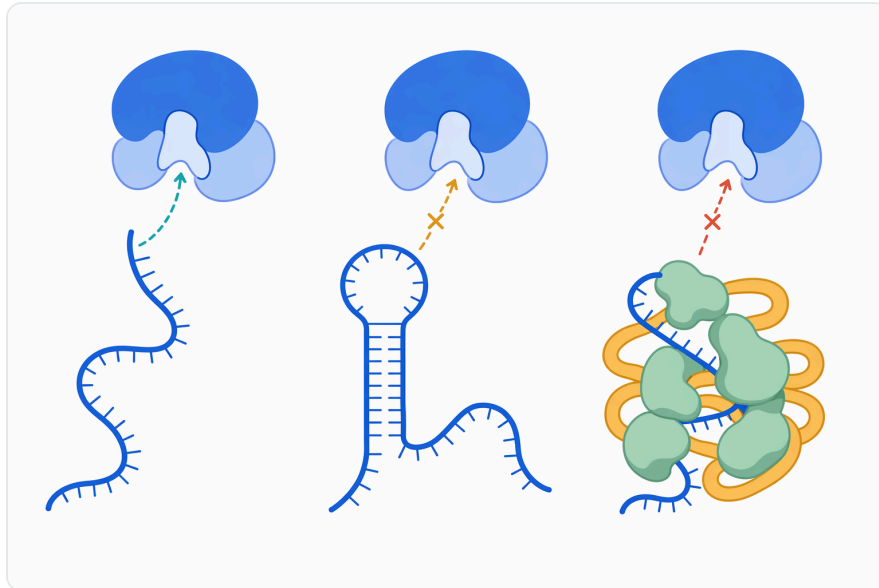


Figure 5. Ribonuclease performance depends on whether RNA is chemically compatible with the enzyme and physically accessible in the process matrix.

Grenzen: wann Ribonuclease nicht automatisch hilft

Ribonuclease löst kein Problem, das nicht durch RNA verursacht ist. Wenn Viskosität vor allem von genomischer DNA, Polysacchariden, Zellwandbestandteilen oder Proteingelen stammt, kann RNase nur den RNA-Anteil reduzieren. Eine beobachtete Verbesserung oder Nicht-Verbesserung muss daher immer vor dem Hintergrund der Matrixzusammensetzung interpretiert werden ^[3].

Eine weitere Grenze ist Inhibition. Ribonuclease inhibitor protein, reduzierende oder denaturierende Bedingungen, starke Matrixbindung oder inkompatible Prozessadditive können die beobachtete Wirkung vermindern. Gerade der Unterschied zwischen RNA-schützenden und RNA-abbauenden Workflows wird in der Praxis leicht übersehen, weil beide mit ähnlichen Begriffen wie RNase, RNase inhibitor und recombinant ribonuclease inhibitor arbeiten ^[1].

Schließlich ist RNase-Spezifität nicht dasselbe wie Produktspezifität. Ein Enzym, das RNA spaltet, weiß nicht automatisch, welche RNA im Prozess „unerwünscht“ ist. Wenn RNA selbst Produkt, Signalträger oder kritischer Bestandteil ist, kann Ribonuclease schädlich sein. Darum gehört RNase in Workflows, in denen RNA entfernt werden soll — nicht in solche, in denen RNA erhalten, quantifiziert oder weiterverarbeitet werden muss.

Produktkontext bei Enzymes.bio

Enzymes.bio bietet Ribonuclease als Lieferant über den Online-Shop an. Das Produkt wird in 1-kg-Einheiten verkauft; nach Online-Bestellung werden die Bestellabwicklung und der Versand gemäß Shop-Prozess ausgeführt. Ein Certificate of Analysis und ein Safety Data Sheet werden bei der Bestellung mitgeliefert.

Das CoA dient der chargenbezogenen Produktdokumentation, während das SDS sicherheitsbezogene Informationen für Lagerung, Handhabung und Arbeitsschutz bereitstellt. Enzymes.bio ist dabei kein Hersteller und kein Prüflabor, sondern stellt Ribonuclease als Lieferant für geeignete technische, industrielle oder forschungsnahe Anwendungen bereit.

Für Anwender ist die zentrale Einordnung: Ribonuclease ist ein Werkzeug zur enzymatischen RNA-Reduktion. Die beste Wirkung entsteht dort, wo RNA zugänglich ist, die Prozessumgebung die Enzymfunktion zulässt und der Abbau von RNA tatsächlich dem Prozessziel entspricht.

Ribonuclease online bestellen

Verkauf in 1 kg-Einheiten, ab Lager und versandbereit. Bestellen Sie direkt in unserem Shop — bezahlen Sie online, wir bearbeiten Ihre Bestellung. Ein Analysenzertifikat und ein Sicherheitsdatenblatt liegen jeder Bestellung bei.

[Ribonuclease kaufen →](#)

Referenzen

Nummeriert nach Reihenfolge der Erstzitation. Open-Access-Quellen, jeweils zum Veröffentlichungszeitpunkt auf Erreichbarkeit geprüft; die Zitationsnummern im Text verlinken hierher:

1. [Pmc4991975](#). *PubMed Central*.
2. Ancelin, M., Santos, V. M., Morrissey, J. P., O'Donohue, M., Penttilä, M., & Philip, J. (2025). [Addressing semantic ambiguity in biotechnology: proposals from the European research infrastructure IBISBA](#). *New Biotechnology*.
3. Chapman, J. M., Ismail, A., & Dinu, C. (2018). [Industrial Applications of Enzymes: Recent Advances, Techniques, and Outlooks](#). *Catalysts*.
4. Basso, A., & Serban, S. (2019). [Industrial applications of immobilized enzymes—A review](#). *Molecular Catalysis*, 479, 110607.
5. Zhang, X., Du, P., Cui, X., Chen, G., Wang, Y., Zhang, Y., El-Aty, A. M. A., ... et al. (2020). [A sensitive fluorometric bio-barcode immunoassay for detection of triazophos residue in agricultural products and water samples by iterative](#)

cycles of DNA-RNA hybridization and dissociation of fluorophores by Ribonuclease H. *Science of the Total Environment*, 717, 137268 - 137268.

6. Wang, F., Zhang, C., Xu, H., Zeng, W., Ma, L., & Li, Z. (2023). Structural Basis for the Ribonuclease Activity of a Thermostable CRISPR-Cas13a from *Thermoclostridium caenicola*. *Journal of Molecular Biology*, 168197 .
7. Rigoldi, F., Donini, S., Redaelli, A., Parisini, E., & Gautieri, A. (2018). Review: Engineering of thermostable enzymes for industrial applications. *APL Bioengineering*, 2.
8. Wu, H., Chen, Q., Zhang, W., & Mu, W. (2021). Overview of strategies for developing high thermostability industrial enzymes: Discovery, mechanism, modification and challenges. *Critical reviews in food science and nutrition*, 63, 2057 - 2073.
9. Zhang, Y., Wang, L., Wang, F., Chu, X., & Jiang, J. (2024). G-Quadruplex mRNAs Silencing with Inducible Ribonuclease Targeting Chimera for Precision Tumor Therapy. *Journal of the American Chemical Society*.
10. Nezhad, N. G., Rahman, R., Yahaya, N. M., Oslan, S. N., Shariff, F. M., & Leow, T. (2023). Recent advances in simultaneous thermostability-activity improvement of industrial enzymes through structure modification. *International Journal of Biological Macromolecules*, 123440 .

Enzymes.bio kontaktieren

Fragen zu einer Bestellung? Unser Team hilft Ihnen gerne weiter.

E-MAIL wholesale@enzymes.bio

TELEFON (USA) **+1 (507) 428-6057**

[Kontakt aufnehmen →](#)



400+ B2B-Kunden



60+ universitäre Forschungspartner



54 weltweit beliefert

© 2026 Enzymes.bio · Enzymlieferant für Industrie & Lebensmittelverarbeitung · Nicht zum menschlichen Verzehr oder für den Einzelverkauf.